



Universidad
Tecnológica
de Pereira

Diseño e implementación de una interfaz gráfica para la
visualización de imágenes médicas mediante funciones de
transferencia multidimensionales.

Trabajo de grado para optar al título de Ingeniera Física

PRESENTADO POR:

Angie Alejandra López Castaño

DIRECTOR: M.Sc. Walter Serna Serna

UNIVERSIDAD TECNOLÓGICA DE PEREIRA

FACULTAD DE INGENIERÍAS
PREGRADO EN INGENIERÍA FÍSICA

PEREIRA 2018

Agradecimientos

Agradezco con el amor más grande a mi familia, en específico a mis padres que siempre quisieron verme como una profesional, siempre creyeron en mí y consideraron que por mis esfuerzos merecía un futuro como este. Agradezco hasta donde las palabras pueden llegar el acto de valentía que han tenido para conmigo, renunciando a sus sueños para que hoy yo pueda estar cumpliendo los míos.

Agradezco a mi Director Walter Serna Serna por permitirme realizar un proyecto en un ámbito que tanto me apasiona. Agradezco su disponibilidad, acompañamiento, comprensión, paciencia y sobre todo su disposición para conmigo.

También quiero agradecer de manera especial y sincera al profesor Ricardo López Varona, quién más que un docente ejemplar, ha sido un gran amigo. Agradezco y atesoro las conversaciones a base de café que tuvimos, sus asesorías y el conocimiento brindado con tanto amor durante mi pregrado, el cual ha sido un pilar fundamental para la finalización de éste trabajo.

Agradezco de la forma más sincera a Julián, quién fue mi constante fuente de motivación para finalizar este trabajo. Agradezco su tiempo, sus conversaciones y enseñanzas, y sobre todo, la compañía brindada durante este proceso.

Índice de Contenidos

	Pág.
Índice de figuras	5
Índice de tablas	6
Resumen	7
Abstract	8
Capítulo 1: Introducción	9
1.1. Introducción.	9
1.2. Objetivo general.	10
1.3. Objetivos específicos.	10
1.4. Estado del arte.	11
1.5. Estructura del documento.	13
Capítulo 2: Fundamento teórico	14
2.1. Imágenes médicas.	14
2.1.1. Tomografía axial computarizada (TAC/CT).	14
2.1.2. Imagen por resonancia magnética (IRM).	15
2.1.3. Estándar DICOM.	16
2.1.3.1. Estructura de un archivo DICOM.	16
2.1.5. Vóxel.	17
2.1.6. Tipos de red.	18
2.1.7. Interpolación trilineal.	19
2.2. Volume rendering.	21
2.2.1. Descripción del proceso físico – óptico.	23
2.2.2. Técnicas de volume rendering.	24
2.3. Segmentación.	26
2.3.1. Función de transferencia.	26
2.3.1.1. Función de transferencia de opacidad.	27
2.3.1.2. Función de transferencia basada en derivadas.	28
2.3.1.3. Histograma LH.	29
2.3.1.3.1. Construcción del histograma LH	30

2.3.1.4. Función de transferencia estadística	33
2.3.1.4.1. Extracción de las propiedades estadísticas	33
Capítulo 3: Desarrollo del entorno de segmentación	38
3.1. Introducción.	38
3.2. Bases de datos.	39
3.3. Entorno de segmentación.	39
Capítulo 4: Segmentación semi-automática de tumores cerebrales sobre imágenes de resonancia magnética por funciones de transferencia	45
4.1. Introducción.	45
4.2. Diseño experimental.	45
4.2.1. Normalización de intensidades.	46
4.2.2. Suavizado de histogramas.	47
4.2.3. Promedio de histogramas.	48
4.2.4. Diferencia entre media de pacientes sanos e histogramas 2D de pacientes con tumor.	48
Capítulo 5: Interfaz gráfica para la segmentación de regiones de estructuras anatómicas	49
5.1. Introducción.	49
5.2. Resultados.	50
5.2.1. Histograma Estadístico (Valor medio vs Desviación Estándar).	50
5.2.2. Histograma Gradiente (Intensidad vs Magnitud del Gradiente).	51
5.2.3. Histograma LH (Intensidad baja vs Intensidad alta).	51
Capítulo 6: Conclusiones y trabajo futuro	56
6.1. Conclusiones.	56
6.2. Trabajo futuro.	57
Bibliografía	58
Apéndice A: Imágenes Obtenidas	61
Apéndice B: Segmentación semi-automática de estructuras anatómicas de diente humano sobre tomografía axial computarizada por funciones de transferencia	65

Índice de figuras

	Pág.
2.1. Ejemplo de imagen obtenida por tomografía computarizada. Fuente [22].	15
2.2. Ejemplo de imagen cerebral obtenida por resonancia magnética. Fuente [6].	16
2.3. Representación píxel vs vóxel. Fuente [11].	18
2.4. Tipos de red: (a) rectilínea, (b) curvilínea y (c) no-estructurada. Fuente [11].	19
2.5. Representación de los vecinos que rodean un punto de interpolación C.	20
2.6. Representación del algoritmo de interpolación trilineal.	21
2.7. Representación de datos tridimensionales mediante la técnica de renderizado volumétrico. Fuente [28].	22
2.8. Representación de la técnica orientada a la imagen. Fuente [2].	24
2.9. Representación de la técnica orientada al objeto. Fuente [2].	25
2.10. Representación de la función de transferencia de opacidad.	27
2.11. Representación de la función de transferencia basada en un histograma 2D de valores de densidad y magnitudes de gradiente. Fuente [28].	28
2.12. Límites resaltados de una tomografía computarizada de diente. Fuente [27].	29
2.13. Tomografía computarizada de diente (256x256x161), donde se muestran diferentes regiones límite en el histograma LH. Fuente [27].	30
2.14. Representación de la desviación estándar y el valor medio para una esfera y su casco exterior. Fuente [30].	34
3.1. Representación en diagramas de bloques de la metodología implementada.	38
3.2. Interfaz gráfica de usuario (GUI).	40
3.3. Menú de herramientas.	41
3.4. Acción “Abrir” con sus posibles selecciones.	42
3.5. Acción “Ayuda” con sus dos posibles selecciones.	42
3.6. Estructura del visor de volumen.	43
3.7. Estructura del visor de histogramas.	43
3.8. Panel de configuración del color con el cual se pintarán las regiones seleccionadas por el usuario.	44
3.9. Scatter donde se define el radio de los círculos que corresponden a las estructuras que se segmentarán en el volumen.	44
4.1. Representación en diagramas de bloques del cálculo de la media de pacientes sanos.	46

4.2. Representación en diagramas de bloques de la metodología implementada para la segmentación estadísticas por histogramas 2D.	46
4.3. Representación del suavizado de histogramas.	47
5.1. Captura del entorno de segmentación, donde se muestran los paneles de configuración, controles de texto y los visores de volumen e histogramas.	49
5.2. 1) Histograma Estadístico. 2) Scatter - Histograma Estadístico con las respectivas regiones de interés. 3) Círculo D: Tumor - Ventriculos.	50
5.3. 1) Histograma Gradiente. 2) Scatter - Histograma Gradiente con las respectivas regiones de interés. 3) Círculo B: Materia Blanca.	51
5.4. 1) Histograma LH. 2) Scatter - Histograma LH con las respectivas regiones de interés identificadas. 3) Círculo C: Materia Gris.	52
5.5. Histograma Estadístico. A) Promedio entre los 29 pacientes sanos. B) Paciente con tumor. C) Diferencia de histogramas.	53
5.6. Histograma Gradiente. A) Promedio entre los 29 pacientes sanos. B) Paciente con tumor. C) Diferencia de histogramas.	54
5.7. Histograma LH. A) Promedio entre los 29 pacientes sanos. B) Paciente con tumor. C) Diferencia de histogramas.	55
A.1. Segmentaciones obtenidas a partir del Histograma Estadístico sobre el volumen tratado.	61
A.2. Segmentaciones obtenidas a partir del Histograma Gradiente	62
A.3. Segmentaciones obtenidas a partir del Histograma LH sobre el volumen tratado.	63
A.4. Segmentación por función de transferencia estadística del tumor cerebral sobre el volumen elegido previamente.	64
A.5. Segmentación por función de transferencia LH del tumor cerebral sobre el volumen elegido previamente.	64
A.6. Segmentación por función de transferencia basada en derivadas del tumor cerebral sobre el volumen elegido previamente.	64
B.1. A) Histograma LH. B) Scatter – Histograma LH con las regiones seleccionadas.	65
B.2. Estructuras segmentadas a través del Histograma LH sobre el diente.	65
B.3. A) Histograma Gradiente. B) Scatter con las respectivas regiones seleccionadas.	66
B.4. Estructuras segmentadas a través del Histograma Gradiente sobre el diente.	66
B.5. A) Histograma Estadístico. B) Scatter con las respectivas regiones seleccionadas.	67
B.6. Estructuras segmentadas a través del Histograma Estadístico sobre el diente.	67

Resumen

Las imágenes médicas permiten observar el interior del cuerpo con el objeto de buscar indicios sobre una condición médica y diagnosticarla a tiempo. Los métodos para su adquisición dependerán no solo de los síntomas previos de un paciente sino de la zona de estudio. En este trabajo se desarrolló e implementó una interfaz gráfica que permitiese al usuario, en este caso el médico, visualizar imágenes médicas obtenidas mediante técnicas de tomografía axial computarizada (TAC) e imágenes obtenidas a base resonancia magnética (IRM) con la posibilidad de segmentar zonas de interés médico diferenciando entre diversas estructuras anatómicas y presentando una retroalimentación visual a color de las estructuras identificadas. Además se elaboró una metodología que permitiera la visualización de estructuras anatómicas a partir de la selección de muestras sobre espacios de características usados en el renderizado volumétrico por funciones de transferencia.

La validación del sistema se efectuó evaluando por comparación la calidad de las segmentaciones de las estructuras y regiones anatómicas generadas por las funciones de transferencia, las cuales fueron implementadas a partir de histogramas bidimensionales.

Por medio de la segmentación realizada, se logró la identificación y diferenciación de estructuras y regiones cerebrales como materia gris, materia blanca, líquido cefalorraquídeo, tumores y ventrículos.

Abstract

Medical images allow observing the interior of the body in order to look for signs about a medical condition and diagnosis in time. The methods for its acquisition will depend not only on the characteristics of a patient in the study area. In this work, a graphical interface will be the previous symptoms of a patient but on the study area. In this work, a graphic interface was developed and implemented to allow the user, in this case the doctor, to view medical images obtained by computerized axial tomography (CT) and images based on magnetic resonance (MRI) with the possibility of segmenting areas of medical interest differentiating between different anatomical structures and presenting a visual feedback in color of the structures identified. In addition, a methodology was developed that allowed the visualization of anatomical structures from the selection of samples on spaces of characteristics used in the volumetric rendering by transfer functions.

The validation of the system was carried out evaluating for the quality of the segmentations of the structures and anatomical regions generated by the transfer functions, which were implemented from two-dimensional histograms.

By means of the segmentation carried out, the identification and classification of brain structures and regions was achieved, such as gray matter, white matter, cerebrospinal fluid, tumors and ventricles.

Capítulo 1: Introducción

1.1. Introducción

Una de las más recientes líneas de investigación de la física médica y de mayor proyección hacia el futuro es el diagnóstico por medio de imágenes médicas. Actualmente es posible obtener imágenes de cualquier parte del interior del cuerpo humano, con técnicas no invasivas que utilizan radiaciones prácticamente inofensivas, como lo son la Resonancia Magnética Nuclear (MRI), la Tomografía Axial Computarizada (TAC) y otras modalidades [19]. El resultado final de estas técnicas produce una distribución de niveles de gris o tonos de color, resultados que al digitalizarse podrán ser presentados de forma bidimensional a través de lo que se denomina “imagen médica”. Las imágenes médicas constituyen un elemento esencial para el diagnóstico temprano de infinidad de patologías y para la realización de un dictamen médico rápido, eficaz y no invasivo, es por ello el interés y la necesidad de trabajar en esta línea de la física médica.

Los resultados que se obtienen a partir de técnicas como MRI y TAC, generalmente son datos volumétricos que conforman un campo escalar con coordenadas (x, y, z) [20]. Para la visualización de dichos datos, existen técnicas tanto bidimensionales, entre las cuales están las basadas en contornos, texturas y mejoramiento del contraste de los datos; como técnicas tridimensionales, las cuales incluyen el renderizado superficial y el renderizado volumétrico [15]. Todos estos métodos tienen como objetivo principal presentar de forma clara y eficiente la información contenida en esos datos. Sin embargo, el tratamiento realizado por técnicas bidimensionales tiene el inconveniente de que trabaja con los datos superficiales de la estructura en estudio, lo cual dificulta la detección de algunas patologías, ya que las características de la anatomía del cuerpo humano son tridimensionales, lo que provocaría la pérdida de información relevante. Las técnicas de renderizado presentan una gran aplicación en la medicina como herramienta decisiva en el diagnóstico, la visualización y el estudio del cuerpo humano.

Un paso crucial en el renderizado de volumen es la segmentación de estructuras, siendo su propósito principal separar la imagen en regiones de interés (ROI) para extraer información morfológica de la imagen y así facilitar la observación y el análisis de estructuras anatómicas, llevándola de un dominio espacial a otro tipo de dominio en el que se pueda resaltar adecuadamente alguna de sus características de valor diagnóstico [32,33], cómo la intensidad,

el contraste de los datos, el tamaño de los objetos y la curvatura de las superficies. Este proceso se lleva a cabo usando la denominada función de transferencia. Esta, mediante un mapeo de los datos, le asigna propiedades ópticas a estos, tales como color y opacidad con base en alguna característica extraída del conjunto de datos en el dominio original [27], para finalmente lograr una buena visualización y permitir que el usuario pueda entender de manera satisfactoria el espacio de características que entrega el conjunto de datos volumétricos.

El objetivo principal de este proyecto es proporcionar una herramienta que facilite el trabajo a los médicos y, que al mismo tiempo, pueda utilizarse en el desarrollo de nuevas investigaciones que permitan mejorar el diagnóstico por imágenes médicas. Se presentará el diseño e implementación de una interfaz gráfica para la segmentación de regiones de interés a partir de funciones de transferencia multidimensionales, creado en el software Matlab, usando la denominada interfaz gráfica de usuario (GUI).

1.1. Objetivo general

Diseñar e implementar una interfaz gráfica interactiva para la visualización de imágenes médicas segmentando estructuras anatómicas en ambientes bidimensionales a color, mediante funciones de transferencia basadas en propiedades estadísticas y derivadas operacionales.

1.2. Objetivos específicos

- Elaborar una metodología para la visualización de estructuras anatómicas a partir de la selección de muestras sobre espacios de características usados en el renderizado volumétrico por funciones de transferencia.
- Desarrollar un módulo de software que facilite determinar los vóxeles que hacen parte de una misma estructura volumétrica a partir de los espacios de características planteados en el objetivo anterior y que presente una retroalimentación visual a color de las estructuras identificadas.
- Validar el funcionamiento del sistema a través de la calidad en la segmentación de estructuras anatómicas en las imágenes médicas entregadas. Segmentación que depende de características físicas como el contraste, resolución espacial y temporal, y el ruido, a través de la comparación con bases de datos que tengan segmentaciones ideales previamente caracterizadas por especialistas.

1.3 Estado del arte

El campo de investigación acerca de la segmentación de imágenes médicas por funciones de transferencia usadas en el renderizado volumétrico no es muy grande pero está contando con un desarrollo fuerte en los últimos tiempos, debido en gran parte a las posibilidades de brindar un diagnóstico acertado, además de simplificar el trabajo de los médicos e investigadores.

A continuación se presentaran algunos artículos e investigaciones que tratan diversos aspectos concernientes a la segmentación de regiones de interés en las imágenes médicas por diferentes tipos de funciones de transferencia.

Visual computing for medicine: theory, algorithms and applications. Computación visual para medicina: teoría, algoritmos y aplicaciones [26].

Autores: Bernhard Preim y Charl Botha. Fecha de publicación: Noviembre 25 de 2013.

Los autores en este libro presentan todos los conceptos teóricos de forma detallada, para la construcción de las funciones de transferencia de opacidad (unidimensionales) y las funciones de transferencia bidimensionales, basadas en el valor escalar de los datos y la magnitud del gradiente, con el objetivo de diferenciar o segmentar regiones de interés en imágenes médicas. Además, se muestran una serie de aplicaciones que contextualizan al lector sobre los avances de la ciencia en la medicina.

Semi-automatic generation of transfer functions for direct volume rendering. Generación semi-automática de funciones de transferencia para el renderizado volumétrico [21].

Autores: Gordon Lothar Kindlmann. Fecha de publicación: Ithaca, New York. Enero de 1999.

En este artículo sus creadores presentaron todas las especificaciones para la construcción de una función de transferencia unidimensional, la cual por medio de una asignación de color, determina qué estructuras son visibles y la forma en que éstas se visualizan. Sin embargo, para estas funciones de transferencia es imposible segmentar entre diferentes tipos de estructuras. Es decir, no diferencian entre bordes o límites de ciertos materiales

Visualization of boundaries in volumetric data sets using LH histograms. Visualización de límites en conjuntos de datos volumétricos utilizando histogramas LH [27].

Autores: Petr Sereda, Anna Vilanova Bartrolí, Iwo W.O. Serlie, y Frans A. Gerritsen. Fecha de publicación: 10 de Enero de 2006.

Los autores en este artículo hacen una revisión de las ventajas y desventajas de las funciones de transferencia en 1D y 2D, presentando así un nuevo dominio de funciones de transferencia multidimensionales para facilitar la selección de los límites entre ciertos materiales o estructuras de las imágenes médicas haciendo uso del denominado histograma LH, el cual muestra las intensidades bajas y altas de las estructuras que forman los límites o bordes, permitiendo así eliminar el problema de la superposición de estructuras.

Classification and Visualization of Volume Data Using Clustering. Clasificación y visualización de datos volumétricos usando clústeres [11].

Autores: Andreas Opitz. Fecha de publicación: Wien, Noviembre 18 de 2009.

Andrea Opitz presentó, en su tesis de maestría, un estudio profundo de los pasos que deben seguirse para la construcción de los histogramas LH usados para la generación de las funciones de transferencia multidimensionales de una manera sencilla y eficaz, mejorando así el proceso de segmentación.

Volume Visualization based on Statistical Transfer- Functions Space. Visualización de volumen basada en el espacio de función de transferencia estadística [30].

Autores: Martin Haidacher, Daniel Patel, Stefan Bruckner, Armin Kanitsar y M. Eduard Gröller. Fecha de publicación: Austria, Marzo 5 de 2010.

La mayoría de las imágenes médicas presentan grandes cantidades de ruido en sus datos, lo que dificulta la segmentación de diferentes estructuras anatómicas. El ruido observado con mayor frecuencia en los conjuntos de datos médicos, es el ruido blanco Gaussiano, el cual tiene un valor medio de cero y una varianza simétrica. En este artículo los autores presentaron un nuevo espacio de función de transferencia basado en propiedades estadísticas como el valor medio y la varianza de los conjuntos de datos volumétricos, eliminando así el exceso de ruido y permitiendo una segmentación confiable de regiones de interés.

1.4 Estructura del documento

En este apartado se realiza una descripción de los capítulos en los cuales se ha dividido el desarrollo del trabajo, organizado de la siguiente forma:

En el **Capítulo 2** se describen los conceptos principales para el desarrollo e implementación del trabajo. Éste capítulo se divide a su vez en cinco sub-capítulos. En primer lugar se realiza una breve introducción respecto a las imágenes médicas y su importancia en el diagnóstico médico. En segundo lugar se realiza una descripción de las dos modalidades principales de imagen médica: tomografía axial computarizada y la imagen por resonancia magnética. En tercer lugar, se explican los métodos de segmentación utilizados para realizar una diferenciación de las estructuras anatómicas en las imágenes médicas cerebrales. Además, se abordan las funciones de transferencia, encargadas de mejorar el proceso de segmentación en una imagen.

En el **Capítulo 3** se describe la metodología usada para la realización de la interfaz gráfica de usuario. En éste, se describe detalladamente como se ha desarrollado el entorno de trabajo, explicando su diseño e implementación, y se describen además, las bases de datos usadas para la obtención de las imágenes médicas.

En el **Capítulo 4**, se describe el trabajo realizado en el marco del XXVII CONGRESO NACIONAL DE FÍSICA en la ciudad de Cartagena, dónde se realizó una segmentación semi-automática de tumores cerebrales por funciones de transferencia basadas en propiedades estadísticas y derivadas operacionales, a través del software matemático Matlab.

En el **Capítulo 5**, se muestran los resultados obtenidos en cuanto al desarrollo de la interfaz gráfica y las pruebas realizadas para la segmentación de tumores, donde finalmente se hace un análisis de estos.

Por último se tiene el **Capítulo 6**, el cual incluye las conclusiones y trabajos futuros, en él se detallan los resultados y objetivos conseguidos y se proponen posibles mejoras al software que se ha implementado.

Capítulo 2: Fundamento teórico

Dado que las imágenes tratadas en este proyecto fueron obtenidas por tomografía axial computarizada y resonancia magnética se realizará una descripción de los fundamentos teóricos físicos acerca de su funcionamiento y formación de la imagen. Además, se conocerán los fundamentos matemáticos necesarios para la construcción de las funciones de transferencia multidimensionales usadas para la segmentación.

2.1. Imágenes médicas

Una imagen médica es aquella que procede del conjunto de procedimientos médicos que buscan revelar, diagnosticar o examinar enfermedades, o bien con propósitos científicos, tales como el estudio de la anatomía física y metabólica, usados para crear imágenes del cuerpo humano, o partes de él, con propósitos clínicos [1]. A continuación se muestran dos de los distintos tipos de imágenes médicas que más usados actualmente para el diagnóstico de diferentes tipos de patologías.

2.1.1. Tomografía axial computarizada (TAC/ CT)

Se trata de la técnica más antigua de escaneo médico tridimensional [2]. La obtención de imágenes bidimensionales a partir de la tomografía computarizada permite la adquisición de imágenes médicas basadas en rayos X, las cuales corresponden a delgados cortes axiales a lo largo del cuerpo del paciente. La radiación electromagnética tipo X, es el tipo de radiación más antigua usada para imágenes diagnósticas. Los rayos X son producidos en un tubo de rayos catódicos formado por un cátodo y un ánodo. Cuando el ánodo es calentado provoca un flujo de electrones. Este flujo de electrones viaja a gran velocidad hacia el cátodo. Cuando los electrones golpean el núcleo atómico, la energía es liberada en forma de radiación X, la cual puede traspasar fácilmente estructuras corporales blandas como piel o tejido [3], véase la figura 2.1.

A partir de múltiples cortes axiales consecutivos se puede realizar una reconstrucción confiable del volumen correspondiente al área radiada [4]. Tras la reconstrucción, la imagen tomográfica es un mapa de los valores obtenidos mediante la tomografía computarizada.

Dicha imagen se representa en una pantalla a través de una matriz que está conformada por píxeles, los cuales almacenan el valor correspondiente al tejido radiado en esa localización espacial [5].



Figura 2.1: Ejemplo de imagen de abdomen de un paciente de 85 años obtenida por CT. Fuente [22].

2.1.2. Imagen por resonancia magnética (IRM)

La imagen por resonancia magnética es una técnica no invasiva para la obtención de imágenes médicas que utiliza la resonancia magnética (radiación no ionizante) a diferencia de la TAC, para obtener información de estructuras anatómicas. La resonancia magnética está basada en propiedades mecánicas-cuánticas de los átomos. Los núcleos atómicos de los átomos de Hidrógeno (protones), los más abundantes dentro del cuerpo humano, se caracterizan por poseer un gran momento magnético [6]. En ausencia de campos magnéticos externos, el momento magnético de estos núcleos apuntaría en varias direcciones, pero en presencia de éste, los momentos magnéticos tienden a alinearse con él [3]. Posteriormente, cuando es aplicado un pulso de radiación electromagnética a una determinada frecuencia de resonancia, se perturba a los núcleos atómicos cambiando su estado energético. Dado que el pulso alteró a los protones en contra de su orientación primaria, una vez este es apagado, estos regresan a su estado original, liberando energía electromagnética en forma de luz [7]. Cada tejido, según su abundancia en protones y al tiempo en el que tardan en relajarse luego de ser estimulados, emite una señal de intensidad característica que es captada por el resonar magnético. Este equipo transduce esta energía en forma de luz a una energía eléctrica, con un voltaje característico. Este voltaje se cuantifica en valores numéricos (imagen digital) y finalmente se transforman en tonos en una escala de grises (imagen analógica o anatómica) que son almacenados en una matriz numérica [8].

La resonancia magnética permite ver únicamente objetos basados en hidrógeno. Por los tanto los huesos, basados en calcio, son anulados de la imagen [9]. Ver figura 2.2.

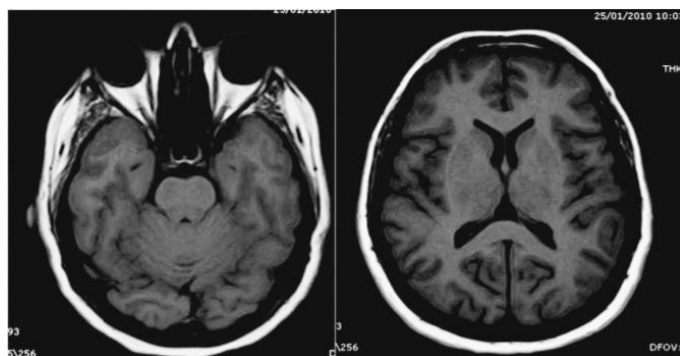


Figura 2.2: Ejemplo de imagen cerebral obtenida por resonancia magnética. Fuente: *Imagenología en Resonancia Magnética* [6].

2.1.3. Estándar DICOM

Al digitalizarse las imágenes médicas, se hace necesario un método estándar de almacenamiento y transferencia de esas imágenes, independiente del formato adoptado por el fabricante de origen, garantizando así que la información entregada a los especialistas sea fidedigna [23].

DICOM (Digital Imaging and Communications in Medicine) es un estándar propuesto y administrado por la National Electrical Manufacturers Association (NEMA), que permanece en constante actualización adecuándose a los nuevos avances en el sector de la salud. El propósito principal del estándar es garantizar un entorno con condiciones iguales propuestas para las imágenes, abarcando desde la adquisición de un estudio imagenológico hasta el momento de ser desplegado en pantalla o impreso en papel radiográfico, después de un posible procesamiento de las imágenes [25].

2.1.3.1. Estructura de un archivo DICOM

Para introducirse en el complejo entorno de la medicina, DICOM usa un lenguaje basado en un modelo propio del mundo real. Se define el mundo real como todos los datos físicos o descriptivos; por ejemplo el nombre del paciente, el dispositivo médico usado, la orientación del paciente, los parámetros de adquisición de la secuencia, la imagen digitalizada, etc. que son vistos por DICOM como elementos con sus respectivos atributos y propiedades [25]. Es así como se establece una jerarquía entre los datos a través de una clasificación por grupos según el contenido de los elementos, facilitando la identificación y el acceso a las variables dentro de un mismo archivo.

Por lo general, un archivo DICOM se reconoce por su extensión *.dcm; sin embargo esto no es una exigencia del estándar, por lo que la forma de diferenciarlo es por medio del HEADER o cabecera, que consta de 128 bytes a modo de preámbulo y 4 bytes con el prefijo “DICM”. El preámbulo puede estar en blanco o contener información sobre la aplicación principal con la que debe ser abierto el archivo.

DICOM tiene una estructura organizada por etiquetas (tags) donde cada una representa un dato distinto. Una etiqueta es un identificador único para un Data Element y se compone de dos partes. DICOM utiliza la siguiente notación en hexadecimal para referirse a una etiqueta: (gggg,eeee) el primer valor hexadecimal de 2 bytes es el número de grupo y el segundo es el número del elemento.

El cuerpo del archivo se forma por una secuencia de Data Sets (conjunto de datos), que representan objetos del mundo real y que a su vez están constituidos por Data Elements, que son atributos codificados del objeto. Cada Data Element está definido por el tag, el tipo de dato y la longitud del dato. Existe una gran variedad de Data Elements y se debe tener en cuenta que no siempre estarán definidos en su totalidad dentro de un mismo archivo, la presencia de estos dependen del tipo de estudio. Así mismo, habrá Data Elements que no aporten información relevante para ciertas necesidades aunque se encuentren presentes.

2.1.4. Vóxel

Las imágenes obtenidas a partir de las técnicas de adquisición de imágenes médicas mencionadas anteriormente se representan de forma digital, es decir, de manera bidimensional como una matriz conformada por muchos píxeles que almacenan toda la información. Originalmente, la información entregada por dichas imágenes es tridimensional debido a que las estructuras anatómicas del cuerpo humano son volumétricas, lo que brinda la posibilidad de representar dicha información como un volumen, donde su división más pequeña es lo que se conoce como vóxel, que no es más que la representación volumétrica de un píxel [2], véase la figura 2.3.

De forma sencilla se puede entender entonces que un vóxel es la unidad cúbica que compone un objeto tridimensional.

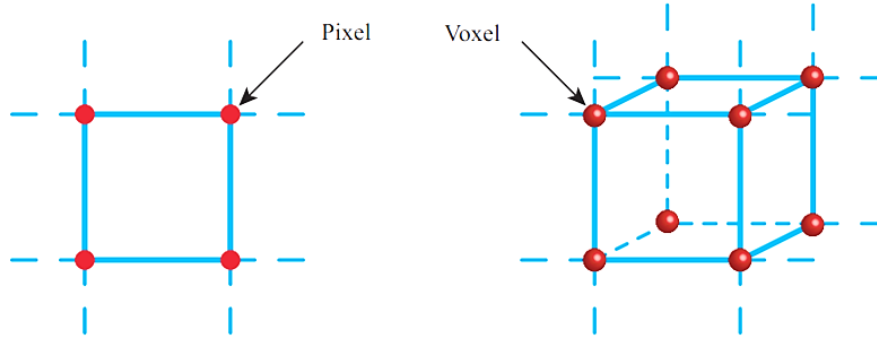


Figura 2.3: Representación de un píxel vs vóxel [12].

Generalmente, un volumen se considera como un campo tridimensional continuo de valores de datos. Sin embargo, para la implementación práctica de técnicas de representación de volumen, se utiliza una representación discreta. El conjunto de datos de volumen discreto se considera una matriz tridimensional simple de elementos cúbicos (vóxeles), donde cada uno representa una unidad de espacio [10]. Aunque imaginar vóxeles como cubos pequeños es fácil y puede ayudar a visualizar la vecindad inmediata de los vóxeles individuales, es más apropiado identificar cada vóxel con una muestra obtenida en un solo punto infinitamente pequeño desde una señal tridimensional.

$$f(\vec{x}) \in \mathbb{R} \quad \text{con} \quad \vec{x} \in \mathbb{R}^3 \quad (2.1)$$

Existen dos interpretaciones posibles de un vóxel sobre su estructura básica. Puede ser visto como un cubo o como un sólo punto. En el primer caso, un vóxel se trata como un cubo que contiene un único valor de datos. En el segundo caso, el valor escalar se define en los puntos de la cuadrícula y la región entre dos vóxeles se considera vacía. Los valores intermedios se obtienen mediante métodos de interpolación [10].

2.1.5. Tipos de red

Los vóxeles en un conjunto de datos volumétricos se disponen generalmente sobre una estructura rejilla (red) para permitir un direccionamiento espacial eficiente de los datos. Los diferentes tipos de red pueden clasificarse en tres tipos principales, véase la figura 2.4:

1. Redes rectilíneas que consisten en celdas convexas con conectividad implícita de vecindad (relación entre un vóxel y su entorno).
2. Redes curvilíneas que pueden obtenerse aplicando una transformación no lineal en una red rectilínea.

3. Red no estructurada, la cual no tiene una topología regular. Por lo tanto, la conectividad de vecindario explícito se pierde.

Cada una de estas diferentes topologías de red requiere diferentes algoritmos de renderización para la visualización [12].

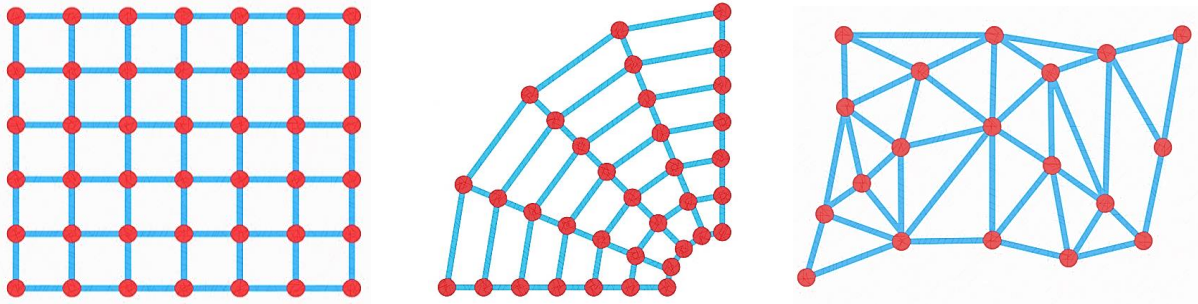


Figura 2.4: Diferentes tipos de red: a) Red rectilínea. b) Red curvilínea. c) Red no - estructurada [12].

2.1.6. Interpolación trilineal

Al trabajar con imágenes médicas, generalmente un vóxel es visto como un único punto ubicado en una red rectilínea. Con el objetivo de que todos los vóxeles que conforman el volumen contribuyan con información, se deben conocer los valores entre vóxeles, y no únicamente los vóxeles que están ubicados en los vértices del cubo. De lo contrario habría una pérdida de información importante. Es por esto que deben usarse métodos de interpolación, y en específico al trabajar con datos tridimensionales, usar la interpolación trilineal.

La interpolación trilineal es un método de interpolación espacial en una red regular tridimensional. Es decir, es el proceso de utilizar puntos con valores conocidos para estimar valores desconocidos entre puntos [13]. Esta interpolación consiste en aproximar linealmente el valor de un punto intermedio (x, y, z) dentro del cubo que representa el volumen, usando datos sobre los puntos de la red. Este método se obtiene mediante la aplicación de una interpolación lineal en cada dimensión, donde se asume una relación lineal entre los vóxeles vecinos. En 1D hay uno, en 2D hay cuatro, y en 3D hay ocho puntos de interpolación. El método consiste en lo siguiente:

En una red periódica y cúbica, sean x_d , y_d y z_d , las diferencias entre cada una de las coordenadas x, y, z , y la coordenada menor relacionada, es decir:

$$x_d = \frac{x - x_0}{x_1 - x_0}; y_d = \frac{y - y_0}{y_1 - y_0}; z_d = \frac{z - z_0}{z_1 - z_0} \quad (2.2)$$

Dónde x_0 indica el punto de la red por debajo de x , y x_1 indica el punto de la red por encima de x e igualmente para y_0, y_1, z_0 y z_1 .

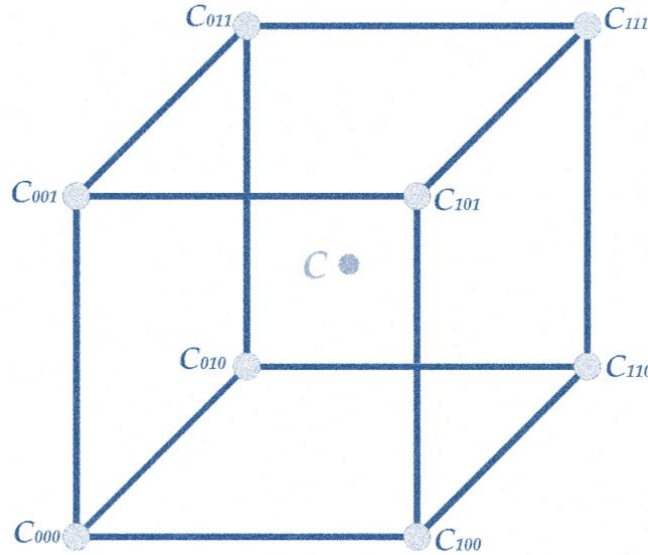


Figura 2.5: Representación de los puntos vecinos que rodean al punto de interpolación C .

Primero se interpola a lo largo del eje x con el objetivo de encontrar los puntos vecinos (las esquinas del cubo) que rodean al punto de interés (se puede imaginar que se está empujando la cara frontal del cubo hacía atrás):

$$C_{00} = V[x_0, y_0, z_0]x' + V[x_1, y_0, z_0] * x_d; C_{01} = V[x_0, y_0, z_1]x' + V[x_1, y_0, z_1] * x_d \quad (2.3)$$

$$C_{10} = V[x_0, y_1, z_0]x' + V[x_1, y_1, z_0] * x_d; C_{11} = V[x_0, y_1, z_1]x' + V[x_1, y_1, z_1] * x_d \quad (2.4)$$

El paso siguiente es interpolar estos valores a lo largo del eje y , imaginando que se está empujando el borde superior del cubo hacía abajo, dando:

$$C_0 = C_{00} * y' + C_{10} * y_d \quad (2.5)$$

$$C_1 = C_{01} * y' + C_{11} * y_d \quad (2.6)$$

Finalmente se interpolan los valores C_0 y C_1 , a lo largo del eje z , es decir caminando a través de la línea que une dichos puntos, donde se obtiene lo siguiente:

$$C = C_0 * z' + C_1 * z_d \quad (2.7)$$

De esta forma, se obtiene un valor predicho para el punto de interés, véase la figura 6.

Dónde $x' = (1 - x_d)$, $y' = (1 - y_d)$ y $z' = (1 - z_d)$. Se toma el valor de la unidad, debido a que esta es la distancia entre vóxeles en todas las direcciones.

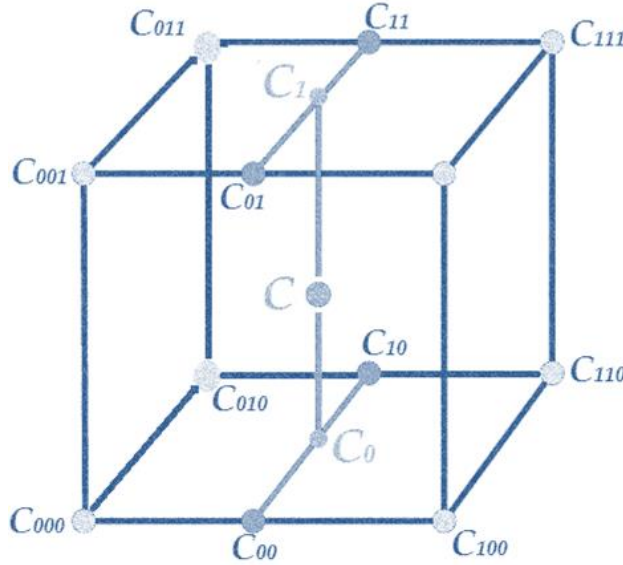


Figura 2.6: Representación de la interpolación trilineal (3D).

2.2. Volume rendering

El renderizado volumétrico es una poderosa herramienta de visualización para aplicaciones médicas [14]. La visualización de volúmenes es el proceso mediante el cual es posible hacer una representación visual además de obtener información de interés a partir de datos discretos que pertenecen a un espacio tridimensional. El conjunto de datos del espacio 3D se denomina generalmente como *dataset* mientras que a cada partición elemental del espacio tridimensional donde se toma la muestra, como ya se mencionó anteriormente se le llama vóxel. Cada uno de estos datos representa información escalar y vectorial de un fenómeno, proceso u objeto que se quiere visualizar. Las bases que constituyen el proceso de visualización son los modelos ópticos de propagación de la luz sobre materiales con índices de color y opacidad variables, que describen cómo el volumen emite, refleja, dispersa y absorbe luz [10].

Los datos usados en el renderizado volumétrico provienen de un espacio tridimensional discreto, dividido en vóxeles. La idea general consiste en tomar cada una de las muestras y

con esto, construir un volumen sobre el cual se hará la visualización [15]. Cada vóxel corresponde a una posición en el espacio de datos y tiene uno o más valores de datos asociados. Mientras que los valores intermedios se obtienen, como ya se indicó, por interpolación de los datos de los vóxeles vecinos.

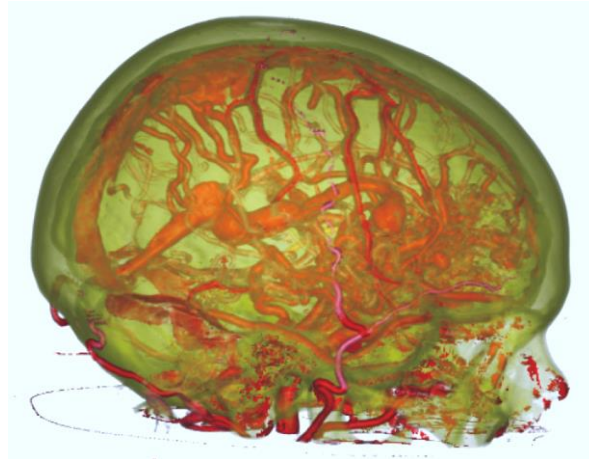


Figura 2.7: Representación de datos mediante la técnica de renderizado volumétrico [28].

Otro de los procesos de proyección de datos es la técnica conocida como surface rendering (renderizado de superficies), donde se representa un volumen por medio de un modelado matemático como una descripción de su superficie basada en unas primitivas bidimensionales y tridimensionales como puntos, líneas, triángulos, tiras de triángulos, entre otras [2]. El interior del volumen no se describe, sino que en todo caso queda representado implícitamente por medio de la superficie, y es aquí donde se identifica la principal diferencia de complejidad entre ambas técnicas, debido a que en el renderizado volumétrico es necesario conocer los datos que componen el interior del volumen para dar un resultado que será tan preciso que proporcionará una sensación de profundidad y la ilusión de una tercera dimensión en una imagen bidimensional y es esto lo que lo hace tan computacionalmente costoso.

Uno de las tareas más importantes en el renderizado volumétrico es la segmentación del volumen en unas regiones de interés (ROI), y es, casi con toda seguridad, la más difícil de todas ellas [4].

2.2.1. Descripción del proceso físico – óptico

Casi todos los algoritmos de renderizado volumétrico consideran el volumen como una distribución de partículas emisoras de luz de cierta densidad. Estas densidades se asignan más o menos directamente al cuatrillizo RGBA (rojo – verde – azul - opacidad) para la composición a lo largo del rayo de visión. Este procedimiento, sin embargo, está motivado por un modelo óptico basado en la física [16]. Los modelos ópticos más importantes para la representación de volumen se describen de manera breve a continuación:

- Absorción únicamente: se supone que el volumen consiste en partículas frías y perfectamente negras que absorben toda la luz que incide sobre ellas. No emiten ni dispersan la luz.
- Emisión únicamente: se supone que el volumen consiste en partículas que solo emiten luz, pero no absorben ninguna, ya que la absorción es insignificante.
- Absorción más emisión: este modelo óptico es el más común en el renderizado volumétrico. Las partículas emiten luz y ocuyen, es decir, absorben la luz entrante. Sin embargo, no hay dispersión o iluminación indirecta.
- Dispersión y sombreado: este modelo incluye la dispersión de la iluminación que es externa a un vóxel. La luz que se dispersa puede suponerse que incide sin impedimentos desde una fuente de luz distante, o puede ser ensombrecida por partículas entre la luz y el vóxel bajo consideración.
- Dispersión múltiple: este sofisticado modelo incluye soporte para luz incidente que ya ha sido dispersada por múltiples partículas.

En esencia, el papel del modelo óptico es describir cómo interactúan con la luz, las partículas en el volumen. El modelo más utilizado supone que el volumen se compone por partículas que simultáneamente emiten y absorben luz, debido a que si se tomaran a consideración todos los posibles fenómenos de interacción con la luz, la cantidad de cálculo involucrado sería desmesurada. Los modelos más complejos incorporan iluminación local y sombras volumétricas, que cuenta para los efectos de dispersión de la luz [10].

Lo anterior puede ser resumido en la integral de renderizado volumétrico:

$$L(x) = \int_x^{x_B} e^{-\int_x^{x'} \phi_t(x'') dx''} \epsilon(x') dx' \quad (2.8)$$

Donde $L(x)$ es la radiancia calculada en términos de una variable unidimensional de posición denominada x . Además, se toma en cuenta la interacción de los coeficientes de extinción (opacidades) $e^{-\int_x^{x'} \phi_t(x'') dx''}$ y de los colores $\epsilon(x')$ para cada muestra del volumen. Actualmente no es posible evaluar numéricamente por completo la integral en un computador por el hecho de requerir sumas infinitas. La solución consiste en llevar la ecuación (2.8) a un modelo discreto que pueda ser evaluado de manera simple.

2.2.2. Técnicas de volume rendering

A diferencia de los métodos de renderizado con superficies, las técnicas de renderizado volumétrico operaran con muestras de datos reales, sin generar una representación geométrica intermedia [15]. Se mencionan a continuación las técnicas de renderizado volumétrico.

Ordenación de imagen (Ray - Casting):

La técnica de ordenación de imagen se centra en el plano de la imagen como punto de partida del algoritmo. La idea principal es que haya por cada píxel de la imagen final un rayo en la escena. El rayo es muestreado siguiendo la evaluación de la ecuación 2.1. La técnica de renderizado volumétrico fue propuesta por Levoy [17] siendo esta una buena representación de este enfoque. En la figura 2.8 se ilustra el concepto. La complejidad computacional de estos algoritmos se rige por el número de píxeles de la imagen final.

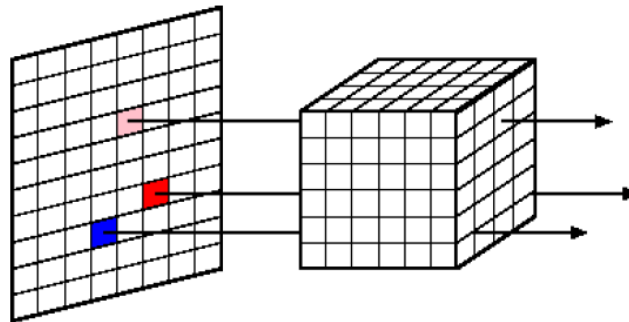


Figura 2.8: Representación de la técnica orientada a la imagen. Fuente [2].

Ordenación de objeto (Splatting):

La información del volumen es el centro de interés en el método de ordenación de objeto. La operación de renderizado se lleva a cabo por cada vóxel del conjunto de datos. Un ejemplo de este tipo de representación es el algoritmo Splatting introducido por Westover [18]. Cada vóxel es visto como una partícula y ésta es proyectada en el plano de la imagen, donde se crea una huella de acuerdo a su color y la opacidad. Los vóxeles más cercanos al plano de la imagen se mezclan con los más alejados. Con esto se logra una aproximación a la ecuación de renderizado simplificada. La complejidad computacional de los métodos de ordenación de objeto es determinada por el número de vóxeles del volumen. En la figura 2.9 se muestra la representación de este método.

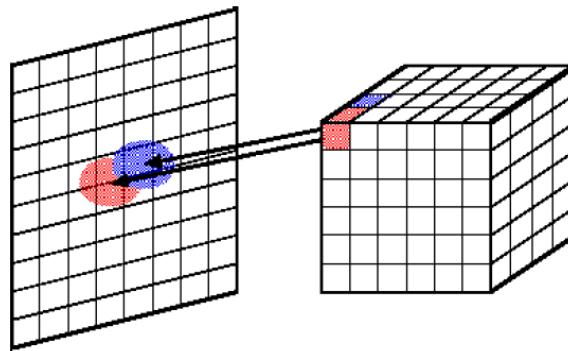


Figura 2.9: Representación de la técnica orientada al objeto. Fuente [2].

Híbridas (Shear Warp)

Los métodos anteriores presentan distintas ventajas e inconvenientes, es por ello que nacen las técnicas de ordenación híbridas combinando las ventajas de cada uno y creando el algoritmo Shear Warp propuesto por Lacroute y Levoy [17], es el algoritmo más rápido basado puramente en software de renderizado volumétrico. La razón por la que se considera una técnica híbrida es porque los cortes de los vóxeles del volumen se forman en la imagen intermedia, que se considera una operación de ordenación de objeto. Después para cada píxel de la imagen final se aplica una correspondencia de posición con la imagen intermedia, calculándose el color final del píxel. Este último paso de la deformación pertenece al método de ordenación de imagen.

2.3. Segmentación

Clásicamente, la segmentación de imágenes se define como la partición de una imagen en regiones constituyentes no solapadas, las cuales son homogéneas con respecto a alguna característica como la intensidad, así pues, dada una imagen cuya región entera está representada por R , se puede definir la segmentación como el proceso que divide a R en n subregiones $R_1, R_2, R_3, \dots, R_n$ [31].

En imágenes médicas, la segmentación es importante en cuanto a la extracción de características, a la realización de medidas sobre la imagen y la representación de la misma. En algunos estudios el objetivo es dividir la imagen en materia gris, materia blanca y espacios del líquido cefalorraquídeo del cerebro; mientras que en otros, como en este proyecto, lo que se hace es extraer, de la imagen, la estructura afectada completa; como se hace con los tumores cerebrales en IRM [31].

El propósito principal del proceso de segmentación es transformar la presentación de la imagen médica, llevándola de un dominio espacial a otro tipo de dominio en el que se pueda resaltar adecuadamente alguna de las características de valor diagnóstico [32,33], cómo la intensidad, el contraste de los datos, el tamaño de los objetos y la curvatura de las superficies. Este proceso se lleva a cabo usando la denominada función de transferencia.

2.3.1. Función de transferencia

Un conjunto de datos volumétricos, por ejemplo, obtenido de una tomografía computarizada, contiene únicamente valores de densidad, pero no almacena información acerca de las estructuras contenidas, por no hablar de sus colores y opacidades. Para la visualización es esencial, sin embargo, tener un mapeo de intensidades a atributos ópticos. La denominada función de transferencia, realiza dicho mapeo al conjunto de datos desde un dominio frecuencial, donde le asigna a los datos unas propiedades ópticas, tales como color y opacidad con base en alguna característica extraída del conjunto de datos en el dominio original [27], con el objetivo de mejorar la visualización de dicho conjunto de datos volumétricos. El diseño de la función de transferencia se ha movido del dominio unidimensional de los valores de densidad a representaciones más abstractas y multidimensionales de los datos. Como resultado, las estructuras de interés dentro de un conjunto de datos se pueden visualizar en una calidad superior.

Las siguientes secciones darán una visión general de los diferentes tipos de función de transferencia [11].

2.3.1.1. Función de transferencia de opacidad

Las funciones de transferencia de opacidad son un tipo de función de transferencia de una dimensión, las cuales determinan por medio de una asignación de color, qué estructuras son visibles y la forma en que se visualizan [26, 21]. El propósito principal de las funciones de opacidad es hacer opacos aquellos valores que se producen alrededor de los límites de los objetos. Esto permite que la forma de las estructuras se observe en la visualización sin ser oscurecida por el medio circundante, ver Figura 2.10. Sin embargo, para estas funciones de transferencia es imposible segmentar entre diferentes tipos de estructuras debido a la posibilidad de superposición entre los intervalos de valores de los datos abarcados por los diferentes límites [21]. A menudo hay características de interés en los datos de volumen que son difíciles de extraer y visualizar con funciones de transferencia en una dimensión. Cuando un valor del conjunto de datos está asociado con varios límites, una función de transferencia unidimensional no puede procesarlos aisladamente.

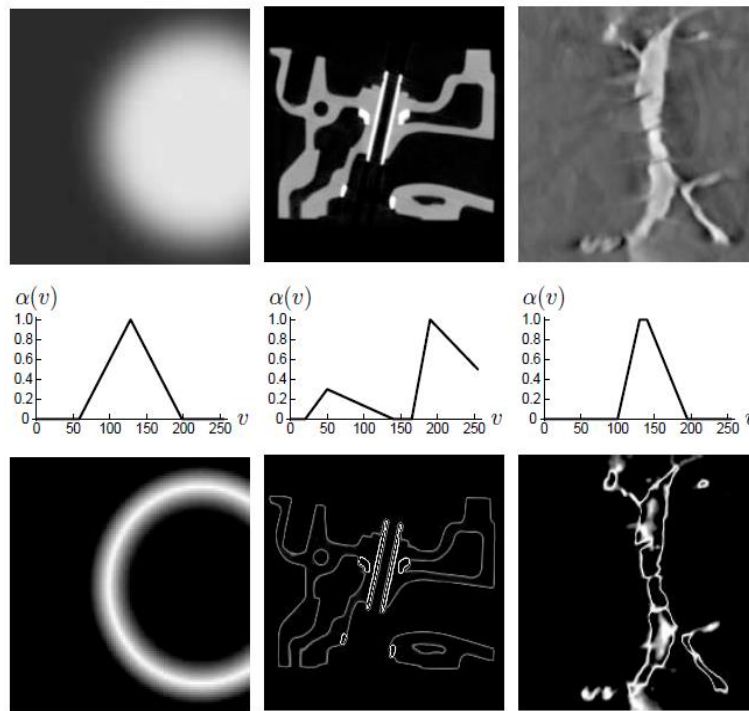


Figura 2.10: Demostración de la función de opacidad para diferentes conjuntos de datos. Yendo de arriba a abajo: el conjunto de datos, un diagrama de la función de opacidad que asigna opacidad α según el valor de los datos v y el resultado de aplicar la función de opacidad al conjunto de datos v [21].

2.3.1.2. Función de transferencia basada en derivadas

Kindlmann [21], con el objetivo de mejorar los inconvenientes presentados por las funciones de transferencia unidimensionales, crea un espacio bidimensional que incorpora la magnitud del gradiente como segunda dimensión. Al hacerlo, los límites de las estructuras en un conjunto de datos pueden interpretarse como arcos en un nuevo dominio de función de transferencia, como se puede ver en la Figura 2.11. Ambos extremos de un arco corresponden a regiones homogéneas de dos estructuras diferentes dentro de un conjunto de datos que tienen una magnitud de gradiente de cero. Cuando se asciende por el arco desde el lado izquierdo, la posición correspondiente dentro del conjunto de datos se mueve a lo largo de la dirección del gradiente. La parte superior del arco corresponde al borde entre las dos estructuras, donde la magnitud del gradiente está en su máximo. El descenso del arco se detiene en el otro lado en la región homogénea de la segunda estructura, debido a que la magnitud del gradiente se ha convertido en cero [11].

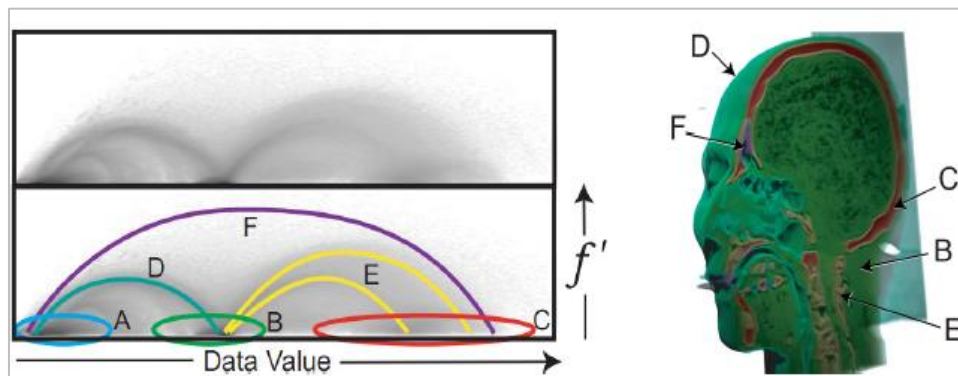


Figura 2.11: La representación del conjunto de datos de Head Hill CT de Chapel Hill es el resultado de una función de transferencia basada en un histograma 2D de valores de densidad y magnitudes de gradiente [28].

Las funciones de transferencia en dos dimensiones utilizan el valor escalar de los datos para distinguir las estructuras, y la magnitud del gradiente como una segunda dimensión para enfatizar los límites entre los objetos. Sin embargo, dichas funciones de transferencia presentan un problema inherente de que no logran distinguir completamente los límites cuando los arcos se solapan o se superponen, como puede verse en la Figura 2.12 [27].

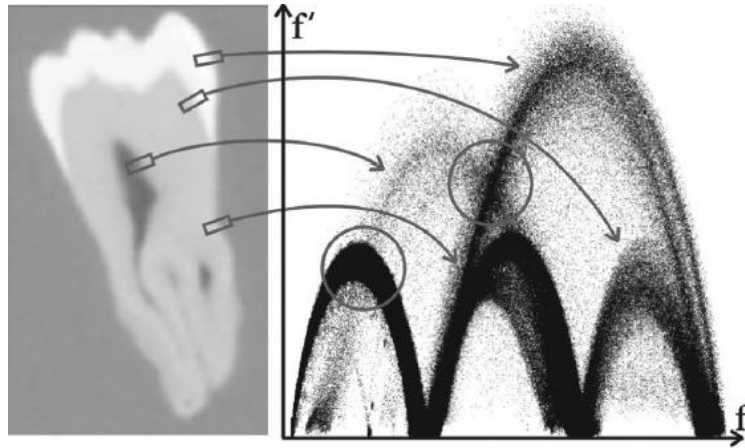


Figura 2.12: Límites resaltados de una tomografía computarizada de diente, los cuales se muestran en el histograma bidimensional en función de los valores de densidad y las magnitudes de los gradientes [27].

Una posible aproximación para eludir este efecto es incorporar un nuevo espacio de función de transferencia basado en histogramas LH introducidos por Serlie [29], como hizo Pet Sereda en el año 2010, con el objetivo encontrar las estructuras situadas en ambos extremos de los arcos. [27]

2.3.1.3. Histograma LH

Pet Sereda [27], en lugar de intentar encontrar los valores de intensidad de las dos estructuras que forman un borde, tomando muestras con un ancho fijo, integró el campo del gradiente tanto en dirección positiva como en dirección negativa. El proceso de integración se efectuará siempre que la magnitud del gradiente esté por encima de cero. Este procedimiento se ejecuta para cada vóxel del conjunto de datos y se utilizan los valores de intensidad baja (F_L) y alta (F_H), resultantes para construir el histograma bidimensional. Por definición, F_H será siempre mayor o igual que F_L . Esto tiene la consecuencia de que solo la región por encima de la diagonal del histograma será rellenada con valores. Al comparar este tipo de función de transferencia con las funciones de transferencia basadas en valores de intensidad y magnitudes de gradiente, resulta que las diferentes regiones limitantes pueden separarse más claramente. Hay regiones menos ambiguas debido a la superposición de los arcos, como se puede ver en la Figura 2.13.

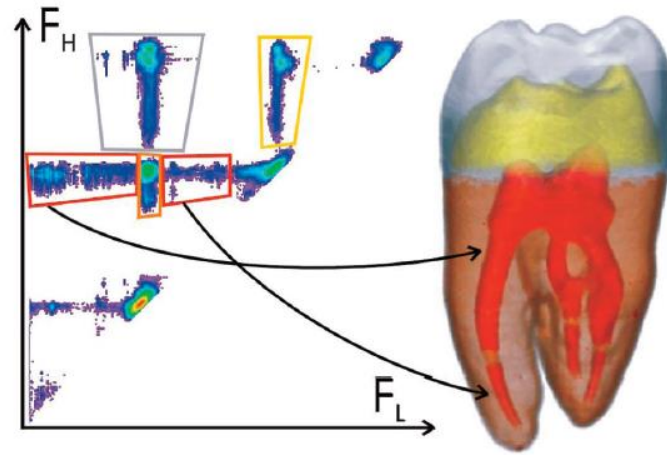


Figura 2.13: Tomografía computarizada de un diente (256x256x161), donde se muestran diferentes regiones límite en el histograma LH [27].

2.3.1.3.1. Construcción del histograma LH

El cálculo de los histogramas LH implica varios pasos de pre-proceso. Primeramente se da el proceso de detección de bordes, que incluye la determinación de las primeras derivadas parciales, los gradientes y las magnitudes del gradiente, y finalmente se da la integración del gradiente para la búsqueda de los valores de intensidad baja e intensidad alta [11].

Detección de bordes

Los bordes corresponden a transiciones bruscas en la intensidad de una imagen y además son las características más rescatables de la escena. Los bordes suministran una valiosa información sobre las fronteras entre estructuras y pueden ser utilizados para segmentar una imagen, reconocer objetos, etc. Debido a que los bordes corresponden a cambios bruscos en la intensidad, para detectar dichos cambios se utilizan las derivadas, que son un concepto matemático asociado al cambio de una variable [34].

Primeras derivadas

Las primeras derivadas parciales deben calcularse para la creación de los gradientes. Al integrar el campo del gradiente resultante en ambas direcciones, la dirección del gradiente negativo y positivo, el procedimiento convergerá a los valores F_H y F_L , respectivamente.

Las derivadas que se presentarán a continuación, se obtienen al convolucionar el conjunto de datos con kernels derivativos. Posteriormente, cada elemento del kernel se multiplica por el valor subyacente del conjunto de datos volumétricos. El resultado final para este vóxel es la suma de estas multiplicaciones. Debido al tamaño del kernel, los vóxeles en el borde del conjunto de datos deben tratarse por separado. Se supone que las derivadas en esta región son cero [11].

Kernel: Operador Sobel

Con el objetivo de realzar o destacar los detalles característicos de la imagen se utiliza el denominado kernel derivativo de primer orden “Operador Sobel” [34]. El operador Sobel calcula el gradiente de intensidad de una imagen en cada punto. Así, para cada punto, este operador da la magnitud del mayor cambio posible, la dirección de éste y el sentido desde oscuro a claro. El resultado muestra cómo de abruptamente o suavemente cambia una imagen en cada punto analizado y, en consecuencia, cuán probable es que éste represente un borde en la imagen y, también, la orientación a la que tiende ese borde.

Gradiente

En cada punto de la imagen se tendrá un gradiente, debido a que el gradiente apunta en la dirección del cambio de intensidad, y como ya se mencionó, éste tomará un valor muy alto en los bordes. Las primeras derivadas parciales que se han descrito anteriormente se combinan ahora con el gradiente:

$$\nabla f = \left(\frac{\partial f(x,y,z)}{\partial x}, \frac{\partial f(x,y,z)}{\partial y}, \frac{\partial f(x,y,z)}{\partial z} \right) \quad (2.9)$$

Magnitud del Gradiente

La intensidad de un borde viene dada por la magnitud del gradiente:

$$\|\nabla f\| = \sqrt{\left(\frac{\partial f(x,y,z)}{\partial x}\right)^2 + \left(\frac{\partial f(x,y,z)}{\partial y}\right)^2 + \left(\frac{\partial f(x,y,z)}{\partial z}\right)^2} \quad (2.10)$$

Se plantea un criterio de selección, con el objetivo de eliminar los vóxeles que no contribuyen a la imagen final. Es decir, seleccionar únicamente los vóxeles que son bordes. Los vóxeles que tengan un módulo del gradiente por debajo de un umbral predeterminado serán eliminados:

$$\|\nabla f\| > \epsilon_1$$

Integración

La elección del método de integración que se utiliza para avanzar a lo largo del gradiente tiene un efecto significativo en la calidad de los histogramas LH y las representaciones. Se ha implementado el método iterativo Runge-Kutta para la aproximación de soluciones de ecuaciones diferenciales ordinarias.

$$p_{i+1} = p_i + h \left(\frac{1}{4} \nabla f(p_i) + \frac{3}{4} \nabla f \left(p_i + \frac{2}{3} h \nabla f(p_i) \right) \right) \quad (2.11)$$

Valores LH

Después de calcular las primeras derivadas, se puede ejecutar el algoritmo para encontrar los valores de intensidad alta y baja. Se rastrea el gradiente utilizando el método de Runge-Kutta para cada vóxel. Los valores de H se determinan siguiendo la ruta en la dirección positiva del gradiente, mientras que el gradiente negativo se usa para encontrar los valores de L . Las posiciones a lo largo del trayecto del gradiente no corresponden necesariamente a un solo vóxel, sino que también pueden encontrarse entre varios vóxeles. Por lo tanto, se accede a estos mediante el uso de la interpolación trilineal, la cual ya fue explicada en secciones anteriores. La integración se detiene cuando se cumple uno de los siguientes criterios de detención [11]:

- Los valores de intensidad no son estrictamente crecientes (valores H) o decrecientes (valores L). Alternativamente se puede verificar si la magnitud del gradiente es igual a cero.
- La magnitud del gradiente comienza a aumentar después de que ha disminuido durante los pasos anteriores a lo largo del gradiente, mientras que la primera derivada debe permanecer decreciente.

A pesar de que esta técnica es novedosa y utiliza propiedades importantes como las derivadas, el gradiente y la magnitud del gradiente para la detección de los bordes y de esta forma mejorar el proceso de segmentación, todavía no resuelve los problemas de ruido, efecto de volumen parcial y sesgo a lo largo de los bordes. Para diferentes estructuras en un conjunto de datos de volumen, el ruido provoca variaciones en los valores de intensidad alrededor de un valor promedio.

Por lo tanto es difícil asignar valores de intensidad a puntos de muestra de una estructura determinada, especialmente si los valores promedio de otras estructuras están cerca. Esta mezcla de estructuras en el espacio de intensidad no se puede resolver en el espacio de la función de transferencia cuando sólo se usan propiedades locales, como la intensidad y magnitud del gradiente [27, 30]. Un enfoque inspirado en la necesidad de solucionar el inconveniente de los conjuntos de datos ruidosos fue propuesto por Martin Haidacher [30], denominado función de transferencia basada en propiedades estadísticas.

2.3.1.4. Función de transferencia basada en propiedades estadísticas

Es una tarea difícil diseñar funciones de transferencia para datos ruidosos. En los espacios tradicionales de función de transferencia, los valores de los datos para diferentes estructuras se superponen debido a factores como el ruido, el efecto de volumen parcial, etc. Martin Haidacher [30], propuso un nuevo espacio de función de transferencia, que estimula adaptativamente las propiedades estadísticas, es decir, el valor medio y la desviación estándar de los valores de los datos en el entorno de cada punto de muestra, con el objetivo de eliminar el problema de los datos ruidosos. Haidacher supuso que el ruido en los datos médicos, específicamente en los conjuntos de datos obtenidos por TAC e IRM, era ruido blanco Gaussiano, el cual tiene valor medio de cero y una varianza simétrica. Esta suposición la hizo con el objetivo de extraer dichas propiedades estadísticas para cada punto de muestra, por medio de las cuales se define el espacio de función de transferencia usado para el diseño de la función de transferencia estadística [30].

2.3.1.4.1 Extracción de las propiedades estadísticas

Se extraen las propiedades estadísticas con el objetivo de construir el espacio para la función de transferencia estadística.

Dado que la distribución de los valores de datos de un material en los conjuntos de datos obtenidos por IRM o TAC, puede aproximarse mediante el modelo del ruido blanco Gaussiano, se considera únicamente la distribución Gaussiana como base para el cálculo de las propiedades estadísticas.

Teniendo en cuenta que una distribución Gaussiana se describe por su valor medio y desviación estándar, serán estas las propiedades estadísticas para crear la función de transferencia.

Para la extracción de las propiedades estadísticas, se aumenta iterativamente un vecindario esférico al aumentar el radio en un vóxel en cada paso. Se compara para cada paso de crecimiento si el casco que recién se ha expandido todavía pertenece a la misma estructura. Las estimaciones de las propiedades estadísticas de todos los puntos dentro de una esfera de radio $r - 1$, son el valor medio μ_{r-1} y la desviación estándar σ_{r-1} . Ahora, $\dot{\mu}_r$ y $\dot{\sigma}_r$ son las propiedades estadísticas de los puntos en el casco exterior de la esfera de radio r (ver Figura 2.14).

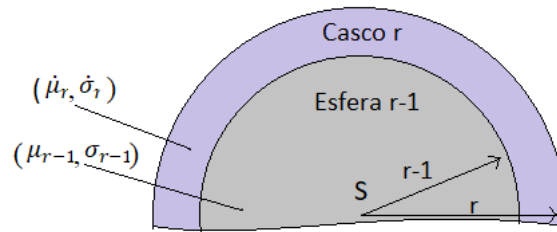


Figura 2.14: Desviación estándar y el valor medio para la esfera y el casco exterior [30].

Se describe a continuación la secuencia de pasos para la implementación del algoritmo que construirá la función de transferencia estadística. El primer paso es el cálculo de las propiedades estadísticas $\dot{\mu}_r$ y $\dot{\sigma}_r$ para los puntos en el casco a un radio r . En el siguiente paso, se prueba si la distribución en el casco se distribuye normalmente. Si este es el caso, las propiedades se comparan con μ_{r-1} y σ_{r-1} . En el caso de que las propiedades estadísticas sean similares, las propiedades estadísticas del casco se fusionan con las propiedades estadísticas de la esfera $r - 1$. Si un punto de muestra se encuentra en el centro de un área homogénea grande, el ciclo finaliza cuando se alcanza el radio máximo r_{max} .

Estimación de propiedades

Como la distribución se considera Gaussiana, se estiman las propiedades estadísticas, valor medio $\dot{\mu}_r$ y desviación estándar $\dot{\sigma}_r$ de los puntos adicionales en la capa r de la esfera (ver Figura 2.14) [30].

$$\dot{\mu}_r = \frac{1}{\dot{N}_r} \sum_{i=1}^{\dot{N}_r} f_i ; \dot{\sigma}_r = \sqrt{\frac{1}{\dot{N}_r} \sum_{i=1}^{\dot{N}_r} (f_i - \dot{\mu}_r)^2} \quad (2.12)$$

\dot{N}_r es la cantidad de puntos incluidos en el casco r y f_i denota el valor de datos de un punto de muestra en el casco.

Prueba de distribución normal

Antes de aplicar una prueba de similitud con las propiedades derivadas del casco esférico y las propiedades estadísticas de la esfera interna, se debe garantizar que la distribución se distribuya normalmente. Esto es necesario debido a que la prueba de similitud se basa en distribuciones normales. Cuando dos estructuras se cruzan con el casco, la distribución no se distribuye normalmente. En tal caso, la distribución tendría dos picos. Con la prueba de distribución normal se quieren detectar tales situaciones y finalizar el ciclo [30].

En estadística, existen varias pruebas de normalidad. Para la construcción de la función de transferencia estadística se usa la prueba Jarque-Bera (JB).

$$JB = \frac{\dot{N}_r}{6} \left(\dot{S}_r^2 + \frac{(\dot{K}_r - 3)^2}{4} \right) \quad (2.13)$$

El parámetro JB se usa para probar la hipótesis nula:

$$H_0 = JB < 13.82_{(1-\alpha=0.999)} \quad (2.14)$$

Solo las distribuciones que son muy diferentes de una distribución normal no pasarán la prueba. El ciclo se termina y las propiedades estadísticas μ_{r-1} y σ_{r-1} de la esfera $r - 1$ se toman como propiedades estadísticas para el punto de muestra S . Si la prueba pasa la hipótesis nula, se pasa a la prueba de similitud.

Prueba de similitud

En este paso de procesamiento, se mide la similitud entre las propiedades estadísticas en el casco r y las propiedades estadísticas de la esfera $r - 1$. El objetivo es detectar si el casco sigue siendo parte de la misma estructura que la esfera $r - 1$. Dado que todos los valores son estimaciones y el número de puntos que están implicados en la estimación es bastante bajo, se usa una variante de la prueba t de Student para la prueba de similitud.

Esta prueba es más adecuada para poblaciones con una distribución gaussiana con tamaños de muestra pequeños. Teniendo en cuenta que tanto los valores medios como las desviaciones estándar pueden variar, se utiliza una forma generalizada de la prueba t del alumno, también conocida como la prueba t de Welch. Como parámetro principal para la prueba de similitud, se calcula el parámetro t_r :

$$t_r = \frac{\mu_{r-1} - \dot{\mu}_r}{\sqrt{\frac{\sigma_{r-1}^2}{N_{r-1} - 1} + \frac{\dot{\sigma}_r^2}{\dot{N}_r - 1}}} \quad (2.15)$$

El parámetro t_r depende de los valores medios, las desviaciones estándar y los tamaños de muestra de las distribuciones. Además, se debe calcular un grado de libertad δ_r :

$$\delta_r = \frac{\left(\frac{\sigma_{r-1}^2}{N_{r-1} - 1} + \frac{\dot{\sigma}_r^2}{\dot{N}_r - 1} \right)^2}{\frac{\sigma_{r-1}^4}{(N_{r-1} - 1)^3} + \frac{\dot{\sigma}_r^4}{(\dot{N}_r - 1)^3}} \quad (2.16)$$

El grado de libertad δ_r solo depende de las desviaciones estándar y los tamaños de muestra, pero no de los valores medios. El valor δ_r junto con el nivel de confianza ω se usan como parámetros para obtener un valor de referencia $t_\omega(\delta_r)$ en una tabla de búsqueda de prueba t. Este valor se usa para probar la hipótesis nula H_0 :

$$H_0: |t_r| < t_\omega(\delta_r) \quad (2.17)$$

Si la hipótesis nula es verdadera, se supone que ambas distribuciones gaussianas son las mismas. Si se rechaza la hipótesis nula, se espera que ambas distribuciones sean diferentes con una probabilidad de $1 - \omega$.

Como en el paso anterior, μ_{r-1} y σ_{r-1} de la esfera $r - 1$ se toman como propiedades estadísticas si la prueba falla. De lo contrario, se continúa con el siguiente paso de crecimiento [30].

Fusión de las propiedades estadísticas

Si las propiedades estadísticas han pasado la prueba de distribución normal y la prueba de similitud, se supone que la estructura en el casco exterior sigue siendo la misma que en la esfera interior $r - 1$. Por lo tanto, las propiedades estadísticas de ambas áreas se pueden combinar. Este paso da como resultado unas nuevas propiedades estadísticas μ_r y σ_r , las cuales representan la distribución de todos los puntos en la esfera r . Las propiedades estadísticas combinadas se utilizan en el ciclo sucesivo para realizar la prueba de similitud con el siguiente casco más grande: $r + 1$, recordando que este proceso que va aumentando de forma iterativa. Además, se almacena el r_{break} de radio en el que termina el ciclo. El parámetro r_{break} será usado como un selector para resaltar las propiedades estadísticas con una mayor importancia [30].

El ciclo finaliza cuando la prueba de distribución normal o la prueba de similitud fallan o cuando se alcanza el radio máximo.

Capítulo 3: Desarrollo del entorno de segmentación

3.1 Introducción

Con el objetivo general inicialmente planteado, se define como propósito principal la representación gráfica de las estructuras que han sido segmentadas. La aplicabilidad de la interfaz radicará en conjuntos de datos médicos, obtenidos a partir de IRM y TAC.

En este capítulo se explica el desarrollo del entorno de trabajo, empezando con la descripción de las bases de datos usadas para la adquisición de las imágenes médicas. Posteriormente se describe el diseño de la interfaz gráfica, donde se han definido los requisitos, y la secuencia de navegación de la interfaz.

Finalmente, se presenta la secuencia que se siguió para la creación e implementación de la interfaz gráfica. Además, se explican las herramientas que se han necesitado para la puesta en funcionamiento de la interfaz, y como se han dividido las distintas funciones implementadas.

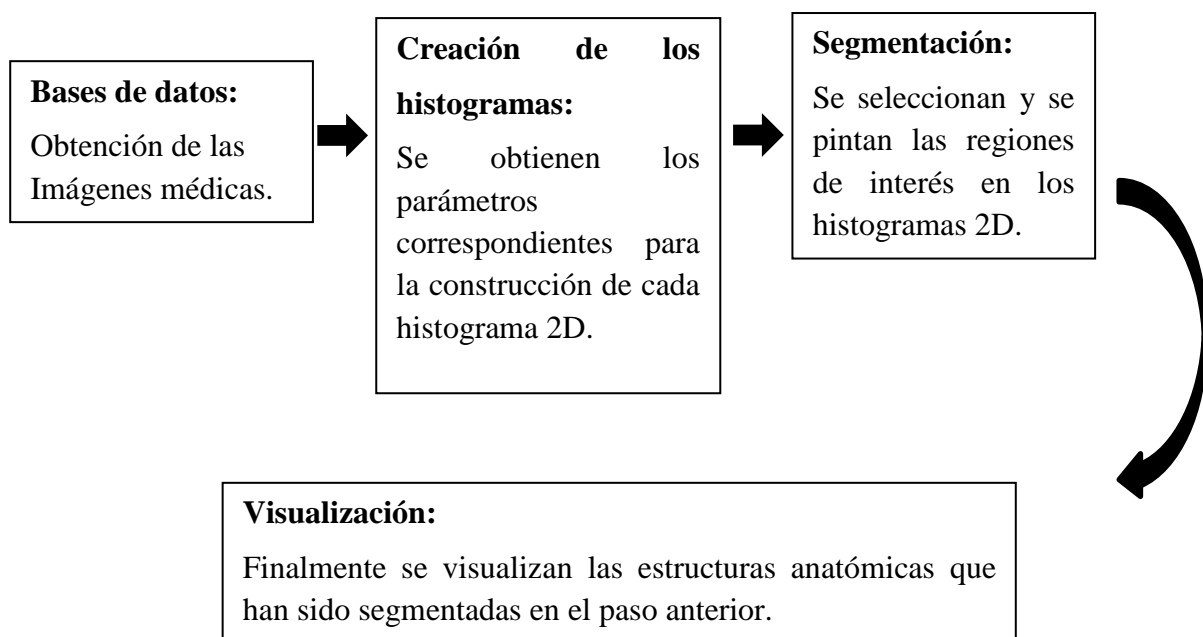


Figura 3.1: Representación en diagramas de bloques de la metodología implementada.

3.2 Bases de datos

Los datos utilizados, imágenes médicas reales e imágenes sintéticas, usados para cumplir con el objetivo principal del proyecto, se obtuvieron de diferentes bases de datos online.

La primera base de datos “IXI Dataset” se obtuvo del sitio web: <http://brain-development.org/ixi-dataset>, sitio de acceso público, que alberga más de 600 imágenes cerebrales de sujetos sanos en formato (*NIfTI). Estos datos están disponibles bajo la licencia Creative Commons CC BY-SA 3.0. Este sitio web fue lanzado el 10 de diciembre de 2007 después de un proyecto de 18 meses de investigación formado por el grupo de análisis de imágenes biomédicas del departamento de informática de la Escuela Imperial de Londres en colaboración con el centro para el desarrollo del cerebro de la universidad pública King’s de Londres, con el objetivo de desarrollar nuevas técnicas computacionales para el análisis de imágenes biomédicas.

La segunda, es una base de datos sintéticos, obtenida de la biblioteca descargable de visualización de volúmenes de código abierto “Voreen”, que corresponden a volúmenes con estructuras y geometrías conocidas que permitirán una comparación directa y cuantitativa con los resultados de segmentación obtenidos.

La tercera base de datos “MICCAI Brats” se obtuvo del sitio web: <http://braintumorsegmentation.org/>, la cual permite descargar imágenes médicas cerebrales de paciente con algún tipo de tumor en formato (*Mha). Además, se encuentra debidamente etiquetada por especialistas clínicos, permitiendo así un buen proceso de segmentación y análisis de estructuras.

3.3 Entorno de segmentación

La finalidad de la interfaz gráfica es poder segmentar estructuras anatómicas en imágenes médicas obtenidas por IRM y TAC, mediante tres tipos de función de transferencia implementadas a partir de histogramas bidimensionales. La GUI le permitirá al usuario seleccionar el volumen de trabajo, el histograma a partir del cual podrá obtener información sobre la localización de las estructuras anatómicas que desea diferenciar y finalmente realizar el proceso de segmentación, permitiendo escoger el color con el cual se marque la región segmentada.

La interfaz para la segmentación de estructuras está pensada y diseñada para que su uso sea intuitivo, con el objetivo de que usuarios no expertos no tengan dificultades en su manejo. La interfaz, llamada SFT (Segmentación por Funciones de Transferencia) está compuesta por un archivo (*.m) dónde se ha escrito el algoritmo y un archivo (*.fig), que contiene los controles, menús y ejes que le van a permitir al usuario interactuar de forma sencilla con la interfaz (ver Figura 3.1).

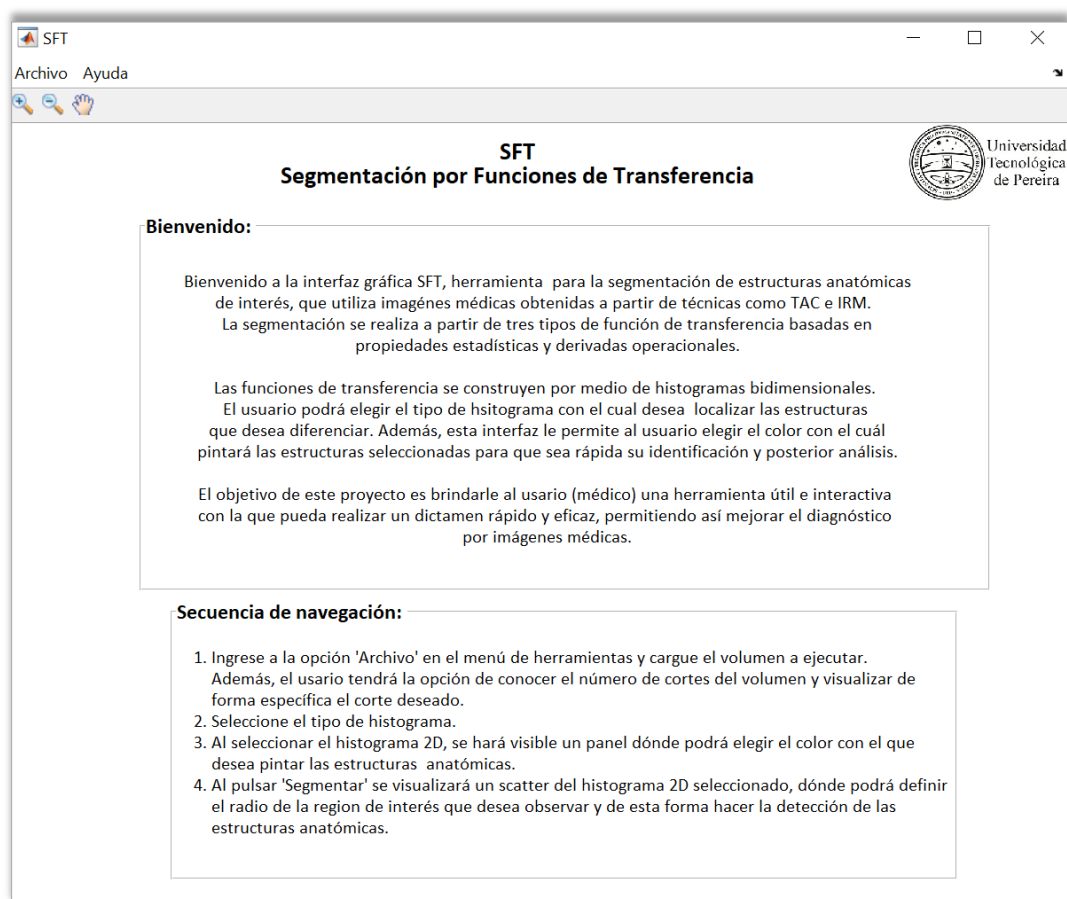


Figura 3.2: Interfaz gráfica de usuario (GUI).

La interfaz debe cumplir con unos requisitos funcionales, como poder leer distintas imágenes por resonancia magnética (IRM) y tomografía computarizada (TAC). Además, la interfaz debe poder segmentar diferentes estructuras anatómicas, previamente seleccionadas por el usuario en los diferentes histogramas implementados: Histograma LH, histograma TF Stastis e histograma del Gradiente y debe finalmente mostrar los resultados obtenidos de forma bidimensional a color para cada volumen (paciente) que el usuario ha elegido.

Dentro de esta interfaz se encuentran una serie de elementos que serán mostrados punto por punto a continuación.

Menú de herramientas

Se tiene un menú de herramientas en la parte superior de la GUI (Figura 3.2). En él, se puede acceder a acciones típicas que ofrece Windows, donde cada acción está disponible con varias posibles selecciones.



Figura 3.3: Menú de herramientas.

En la primera acción de menú, se puede observar:

- Archivo
 - Abrir
 - Volumen prueba
 - Volumen DICOM
 - Volumen Mha
 - Volumen Diente
 - Volumen Pez
 - Abrir archivos *.mat
 - Salir

Con la primera selección, llamada “Abrir”, el usuario podrá cargar una serie de volúmenes de prueba que ya tiene por defecto la interfaz, estos son volúmenes que se han obtenido de bases de datos online gratuitas, incluyendo imágenes cerebrales en formato DICOM y Mha, e imágenes de diferentes objetos tridimensionales. Además, tendrá la opción de abrir archivos (*.mat), que son archivos 3D ejecutables, gracias a una ventana emergente, que muestra un directorio dónde estarán ubicados estos archivos.

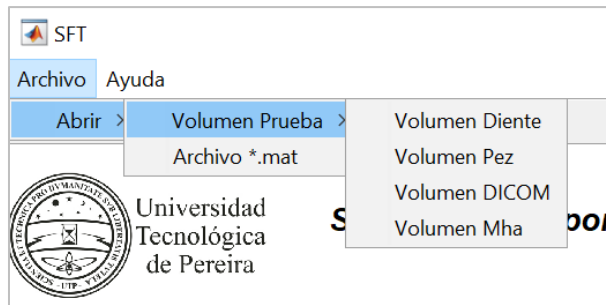


Figura 3.4: Acción “Abrir” con sus posibles selecciones.

Se muestra a continuación la segunda acción de menú:

- Ayuda
 - Acerca de SFT
 - Soporte técnico



Figura 3.5: Acción “Ayuda” con sus dos posibles selecciones.

En esta selección “Ayuda” el usuario tendrá la opción de revisar el soporte técnico, dónde encontrará los nombres de los creadores y la versión actual de la interfaz gráfica. Además, tendrá la opción de revisar la fundamentación teórica de la interfaz, cómo se han construido las funciones de transferencia y un manual de usuario con el objetivo de un manejo eficaz de la interfaz.

Visor de volumen

Los datos volumétricos que se usarán son generados a partir de una simulación por computador, los cuales están subdivididos en dos:

- Los obtenidos por escaneo del objeto (IRM, TAC)
- O los generados sintéticamente (Librería volumétrica Voreen).
-

Una vez realizada la carga del volumen podrán visualizarse las imágenes médicas y las regiones que se segmenten. Además, se le brinda al usuario la opción de visualizar de forma específica algún corte deseado, conociendo de antemano el número de cortes del volumen.

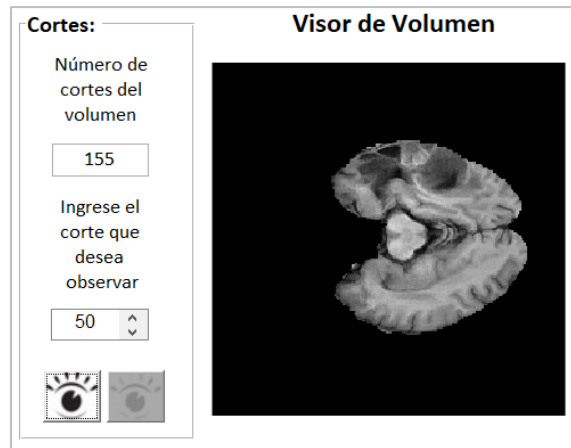


Figura 3.6: Estructura del visor de volumen.

Visor de histogramas

Con el objetivo de localizar las regiones de interés en las imágenes médicas, son usadas las funciones de transferencia, las cuales se construyen a partir de histogramas bidimensionales. Es por esto que la interfaz cuenta con un visor de histogramas, dónde se visualizarán los diferentes tipos de histogramas y el usuario tendrá la posibilidad de elegir entre alguno de ellos.

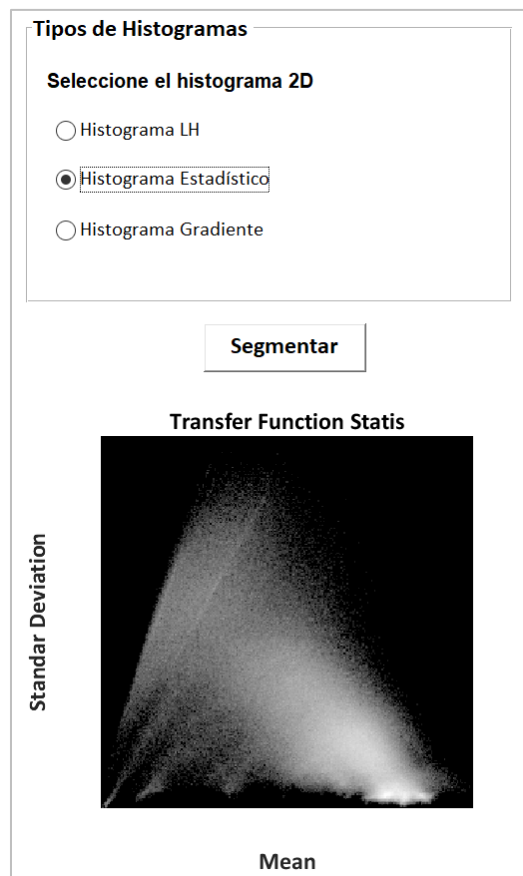


Figura 3.7: Estructura del visor de histogramas.

Panel de color

La interfaz cuenta además con un panel para configurar el color con el cual se pintarán las estructuras anatómicas que han sido previamente seleccionadas por el usuario en el histograma bidimensional.

Color:

Debe ingresarse el color con el que desea
pintar las estructuras de interés.
Ej: [R=255 G=0 B=255]-->Color rosado.
[R=0 G=0 B=255]--->Color azul

Configuración Color:
Ingrese el color deseado

R
G
B

Figura 3.8: Panel de configuración del color con el cual se pintarán las regiones seleccionadas por el usuario.

El usuario seleccionará las regiones de interés en un Scatter (Figura 3.8), a través de círculos en donde podrá definir su radio. Inicialmente se dará un primer clic siendo este el centro del círculo y posteriormente definirá el radio con un segundo clic sobre el Scatter.

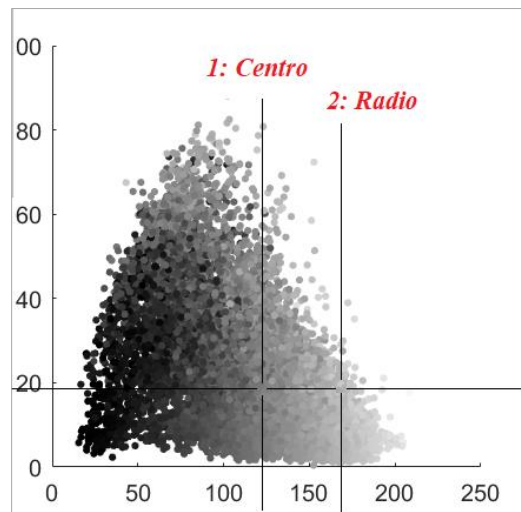


Figura 3.9: Scatter donde se define el radio de los círculos que corresponden a las estructuras que se segmentarán en el volumen.

Estos son los componentes que conforman la interfaz gráfica, teniendo como objetivo principal brindarle al usuario una exploración interactiva con cada panel de configuración, visores de volumen e histogramas y controles de texto.

Capítulo 4: Segmentación semi-automática de tumores cerebrales sobre imágenes de resonancia magnética por funciones de transferencia

4.1 Introducción

Uno de los métodos más usados para la segmentación de tumores cerebrales en estudios morfométricos basados en vóxel, es la segmentación basada en atlas, que consiste en registrar espacialmente la imagen con otra imagen de referencia permitiendo identificar las diferencias entre sujetos sanos y enfermos. Sin embargo, el resultado no siempre es fiable debido a que depende de la orientación final respecto a la imagen referencia y a la variabilidad anatómica entre sujetos [24].

Este trabajo propone una nueva técnica basada en los espacios de características usados para el renderizado volumétrico por funciones de transferencia, específicamente el histograma LH, el histograma estadístico y el histograma de gradiente vs intensidad, donde no se considera la información espacial de la imagen sino características como contornos codificados en un nuevo dominio. Dado que los diferentes estudios de sujetos sanos muestran tendencias similares de datos en los espacios de características, se hace posible la detección de anomalías a través de la comparación estadística de dichas tendencias en estos dominios.

4.2 Diseño experimental

El método consiste en generar un modelo de referencia en los dominios de características a partir del promediado de las imágenes de múltiples sujetos sin patologías confirmadas. Posteriormente, las imágenes de un sujeto enfermo son llevadas al mismo dominio para realizar una substracción estadística con el modelo de referencia. El método propuesto fue usado en la identificación semi-automática de tumores cerebrales sobre imágenes de resonancia magnética.

Para la construcción de cada uno de los histogramas promedio se seleccionaron 29 sujetos sanos de la base de datos IXI Dataset. Posteriormente, se calcularon los Histogramas LH, Estadístico y de Gradiente para cada paciente de 256 x 256 bins. Se promediaron los 29 sujetos sanos obteniendo un único histograma de referencia LH, Estadístico y del Gradiente.

Finalmente se calcularon los tres histogramas 2D para pacientes con tumor cerebral de la base de datos MICCAI Brats, la cual se encuentra debidamente etiquetada por especialistas clínicos. Se muestra la secuencia que se siguió para la obtención de los histogramas bidimensionales para la segmentación de estructuras anatómicas cerebrales (Ver Figuras 4.1 – 4.2).

Cálculo de la media de pacientes sanos

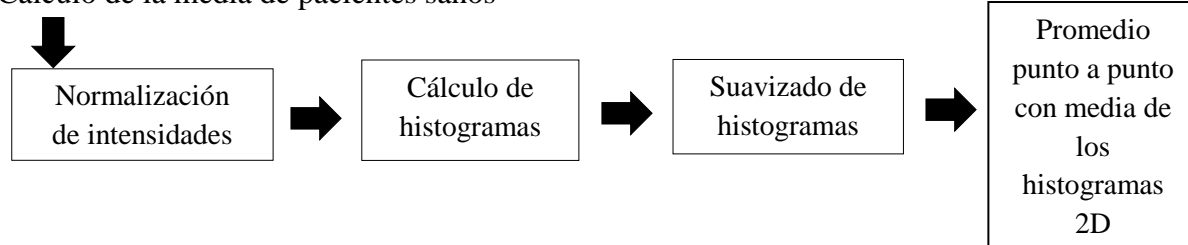


Figura 4.1: Representación en diagramas de bloques del cálculo de la media entre los 29 pacientes sanos.

Segmentación estadística por histogramas 2D

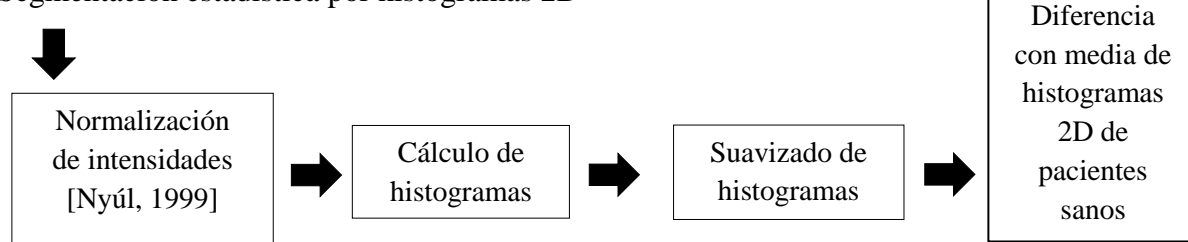


Figura 4.2: Representación en diagramas de bloques de la metodología implementada para la segmentación estadística por histogramas 2D.

4.2.1 Normalización de intensidades

Como ya fue mencionado, en esta nueva técnica no es necesario realizar un registro espacial. Sin embargo, sí es importante que los histogramas coincidan, y es aquí donde radica la importancia de la normalización de intensidades. Un algoritmo de normalización ajusta las distribuciones de cada exploración de seguimiento para que coincida con la exploración de referencia elegida, con el fin de mejorar la comparación entre las imágenes obtenidas por resonancia magnética. El algoritmo Nyul [35] de normalización de intensidad se basa en puntos de referencia para lograr la normalización. Sin embargo, los puntos de referencia confiables suelen ser difíciles de ubicar de manera consistente. Por lo tanto, se usa el algoritmo de normalización de intensidad implementado en el artículo [36]. Inicialmente se identifican la intensidad máxima y mínima en la escala estándar del volumen a tratar. De esta forma se puede eliminar ruido de fondo y valores atípicos.

$$Vol'(x,y,z) = Máximo \left[\frac{Vol(x,y,z) - Min_{vol}}{Max_{vol} - Min_{vol}} \right] \quad (4.1)$$

Dónde $Vol(x,y,z)$ es un valor gris de la referencia original en (x,y,z) y $Vol'(x,y,z)$ es el valor correspondiente de la escala de grises transformada. Este procedimiento se realiza también para cada uno de los volúmenes de seguimiento. *Máximo* tiene un valor de 256 al igual que Max_{vol} , el cual será el valor de máximo de intensidad y el valor de resolución de los histogramas (256 x 256 bins).

El histograma correspondiente a cada uno de los volúmenes de seguimiento se estira y se desplaza para cubrir todos los niveles de escala de grises en la imagen de entrada de la siguiente manera:

$$N(x,y,z) = \begin{cases} \left\lceil \mu_s + (g(x,y,z) - \mu_i) * \frac{Min_{vol} - \mu_s}{p_{1i} - \mu_i} \right\rceil & g(x,y,z) < \mu_i \\ \left\lceil \mu_s + (g(x,y,z) - \mu_i) * \frac{Max_{vol} - \mu_s}{p_{2i} - \mu_i} \right\rceil & g(x,y,z) \geq \mu_i \end{cases} \quad (4.2)$$

Dónde $N(x,y,z)$ representa la función de normalización del histograma. Los valores de μ_s y μ_i se obtienen de un mapeo lineal por separado realizado al histograma entre el volumen de referencia, el volumen de seguimiento y el valor máximo de intensidad. Los valores de p_{1i} y p_{2i} son igual a cero.

4.2.2 Suavizado de histogramas

Se suavizan los histogramas 2D con el objetivo de resaltar detalles que no se notaban inicialmente y al mismo tiempo eliminar elementos ruidosos. El suavizado se realiza convolucionando el histograma con un kernel tridimensional con valores de uno. Es decir, se tiene la matriz que representa el histograma y otra matriz más pequeña que es el kernel. El kernel se irá desplazando sobre la matriz de tal forma que el elemento central del kernel coincida con cada uno de los pixeles del histograma. En cada posición se multiplica el valor de cada pixel de histograma que coincide en posición con un elemento del kernel, por el valor de este. El pixel del histograma que coincide con el elemento central del kernel cambia su valor por la suma de los productos.

$$kernel = \begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 \end{bmatrix} \quad (4.3)$$

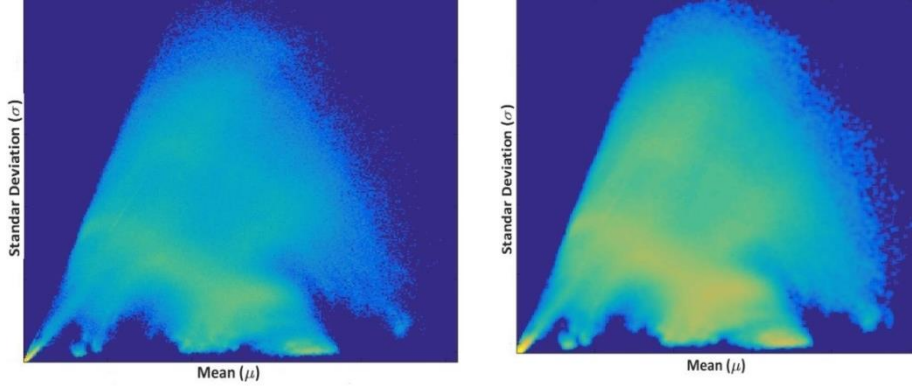


Figura 4.3: Imagen izquierda) Histograma paciente sano sin suavizado. Imagen derecha) Histograma suavizado.

4.2.3 Promedio de histogramas

Se realiza un promedio (estadística de primer orden) de los 29 pacientes sanos que serán usados para la comparación directa con un paciente con tumor cerebral, con el objetivo de obtener un único histograma basado en propiedades estadísticas o derivadas operacionales.

$$Hist_{prom}(i, j) = \frac{1}{M} \sum_{m=1}^M Hist_m(i, j) \quad (4.4)$$

Donde (i, j) es una posición sobre el histograma bidimensional, M es el número de pacientes disponibles, y $Hist_m$ es cualquiera de los tres histogramas bidimensionales del m -ésimo paciente.

4.2.4 Diferencia entre media de pacientes sanos e histogramas 2D de pacientes con tumor

Con el objetivo de brindarle al usuario un mejor espacio de búsqueda de estructuras anatómicas cerebrales, se realiza la diferencia entre el histograma del valor promedio de los 29 pacientes sanos y los histogramas bidimensionales del paciente con presencia de tumor cerebral. En esta diferencia, que será visualizada a través de un histograma, podrán observarse las estructuras diferentes, permitiendo así la identificación semi-automática de dichas estructuras anatómicas.

$$Hist_{dif} = Hist_{prom} - Hist_{tumor} \quad (4.5)$$

Donde $Hist_{tumor}$ corresponde a uno de los tres histogramas bidimensionales implementados en el trabajo del paciente con tumor.

Capítulo 5: Interfaz gráfica para la segmentación de estructuras anatómicas

5.1 Introducción

En este capítulo se ilustrarán los resultados obtenidos a lo largo del desarrollo de este proyecto. Integrando las ecuaciones descritas en los apartados anteriores para la construcción de cada uno de los histogramas bidimensionales, se han diseñado una serie de algoritmos formando así un módulo independiente de visualización de datos volumétricos, el cual permite aplicar diferentes funciones de transferencia para mostrar los datos tal y como se puede ver en las siguientes imágenes.

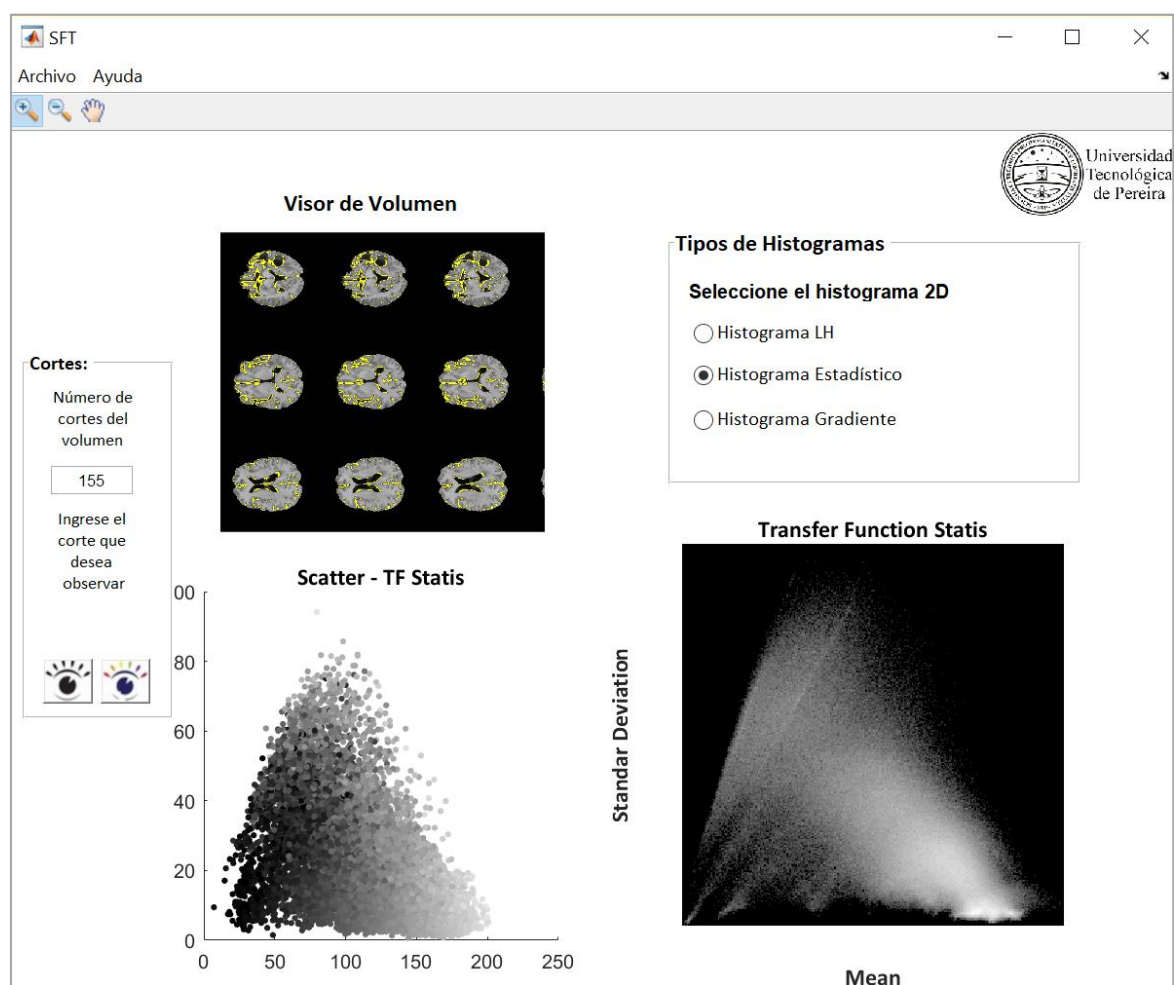


Figura 5.1: Captura del entorno de segmentación, donde se muestran los paneles de configuración, controles de texto y los visores de volumen e histogramas.

5.2 Resultados

Los resultados entregados en este proyecto son meramente cualitativos, es decir, la validación de la interfaz gráfica se hará por medio de la calidad en la segmentación de las diferentes estructuras anatómicas de las imágenes médicas que fueron tratadas en la GUI.

A continuación se muestran los resultados obtenidos para cada uno de los histogramas bidimensionales. Las pruebas se hicieron con un volumen específico: imagen médica cerebral con presencia de tumor en formato (*Mha), donde la resolución de las exploraciones es de 240 x 240 x 150.

5.2.1 Histograma Estadístico (Valor medio vs Desviación Estándar)

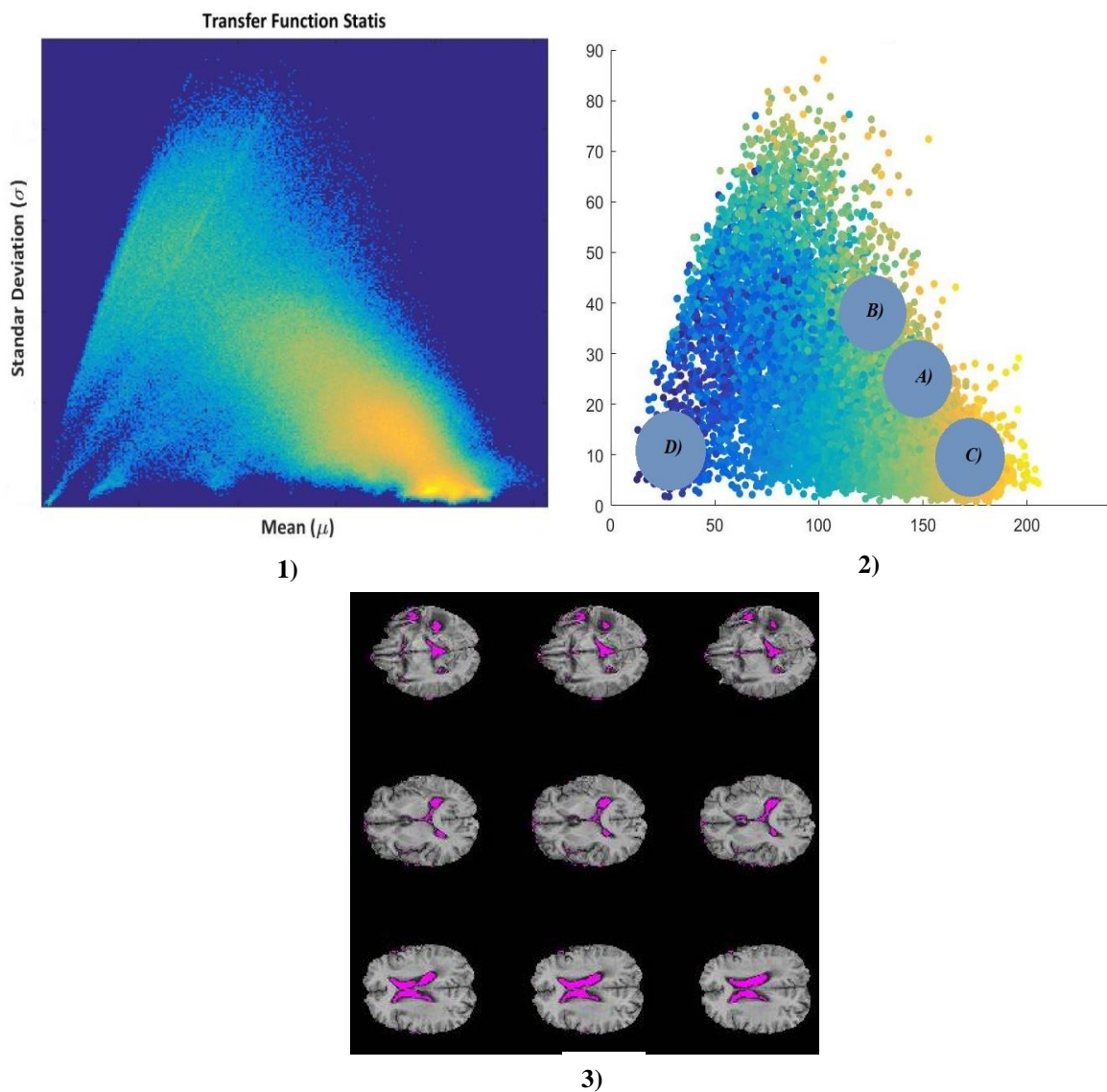


Figura 5.2: 1) Histograma Estadístico. 2) Scatter - Histograma Estadístico con las respectivas regiones de interés. 3) Círculo D: Tumor - Ventriculos.

El radio de los círculos correspondientes a las estructuras anatómicas segmentadas en el volumen, es la diferencia entre x_2 y x_1 , siendo x_1 el centro del círculo (primer clic que da el usuario) y x_2 el radio del círculo (segundo clic que da el usuario).

Los valores de x_1 y x_2 para los círculos observados en la Figura 5.2 equivalen a: **A)** $x_1 = 130.6 - x_2 = 148.4$ **B)** $x_1 = 120 - x_2 = 135.7$ **C)** $x_1 = 166.7 - x_2 = 179.9$ **D)** $x_1 = 35.01 - x_2 = 51.32$. Para observar las demás estructuras anatómicas segmentadas diríjase al Apéndice A, Figura A.1.

5.2.2 Histograma Gradiente (Intensidad vs Magnitud del Gradiente)

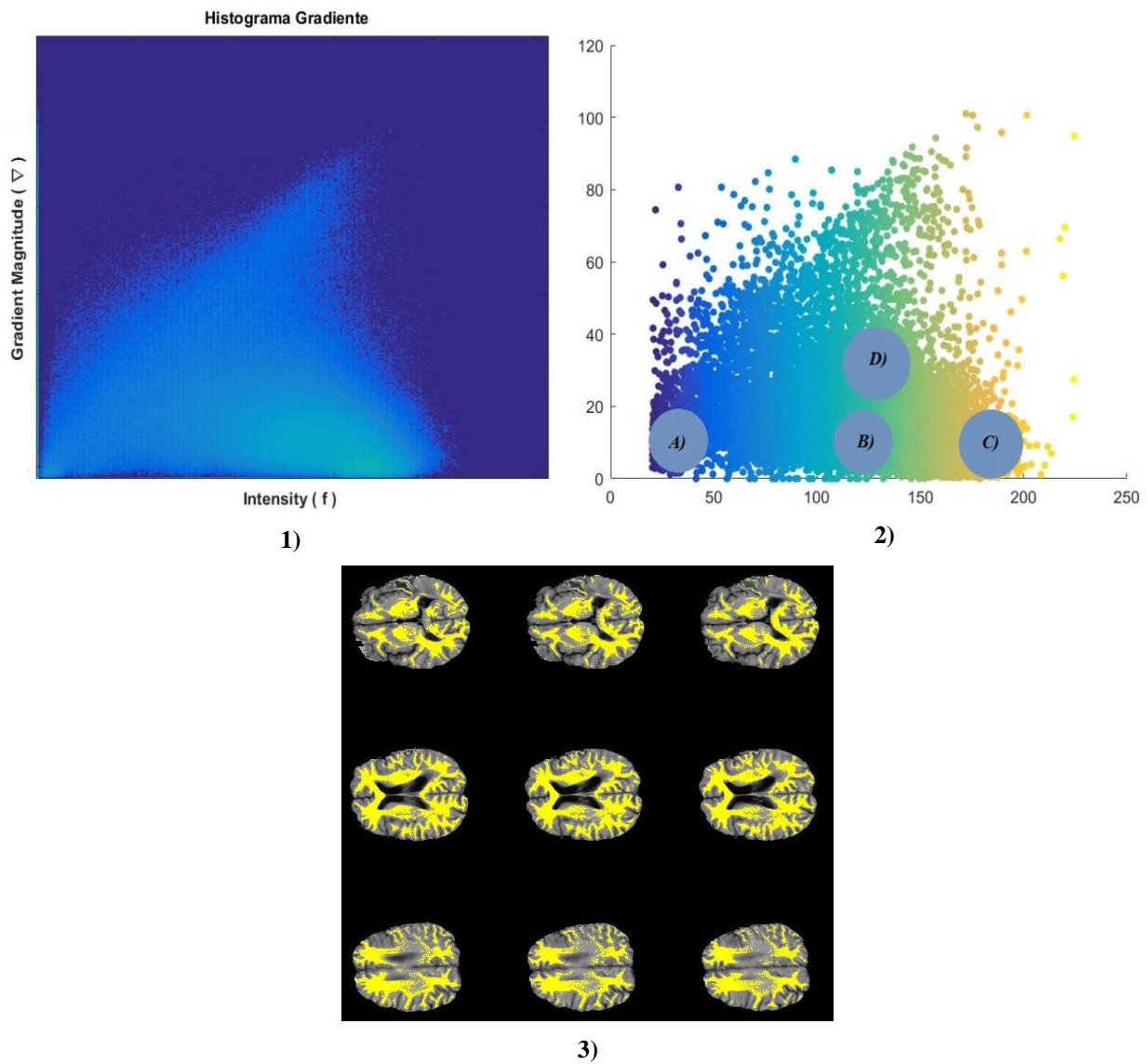


Figura 5.3: 1) Histograma Gradiente. 2) Scatter - Histograma Gradiente con las respectivas regiones de interés identificadas. 3) Círculo B: Materia Blanca

Los valores de x_1 y x_2 para los círculos observados en la Figura 5.3 equivalen a: **A)** $x_1 = 32.49 - x_2 = 42.63$ **B)** $x_1 = 123.7 - x_2 = 141, 3$ **C)** $x_1 = 180.1 - x_2 = 197.4$. **D)** $x_1 = 34.09 - x_2 = 35.09$. Para observar las demás estructuras anatómicas segmentadas diríjase al Apéndice A, Figura A.2.

5.2.3 Histograma LH (Intensidad baja vs Intensidad alta)

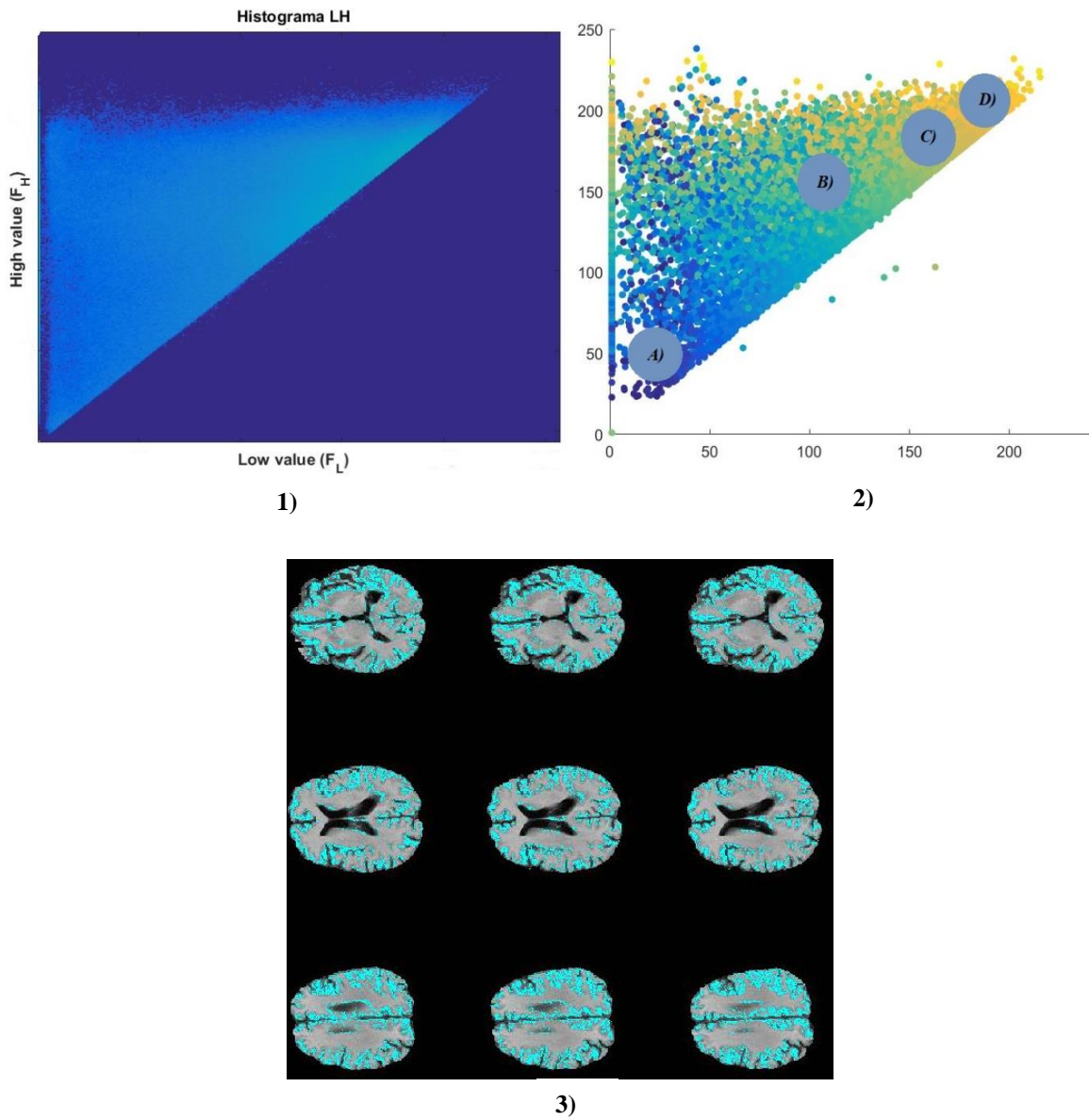


Figura 5.4: 1) Histograma LH. 2) Scatter - Histograma LH con las respectivas regiones de interés identificadas. 3) Círculo C: Materia Gris.

Los valores de x_1 y x_2 para los círculos observados en la Figura 5.4 equivalen a: **A)** $x_1 = 18.78 - x_2 = 35.39$ **B)** $x_1 = 176 - x_2 = 192.8$ **C)** $x_1 = 188.7 - x_2 = 203.4$ **D)** $x_1 = 103.4 - x_2 = 124.1$. Para observar las demás estructuras anatómicas segmentadas diríjase al Apéndice A, Figura A.3.

5.2.4 Segmentación semi-automática de tumores cerebrales sobre imágenes de resonancia magnética por funciones de transferencia

Se muestran los resultados obtenidos en el trabajo presentado como ponencia en el marco del XXVII CONGRESO NACIONAL DE FÍSICA.

Histograma Estadístico

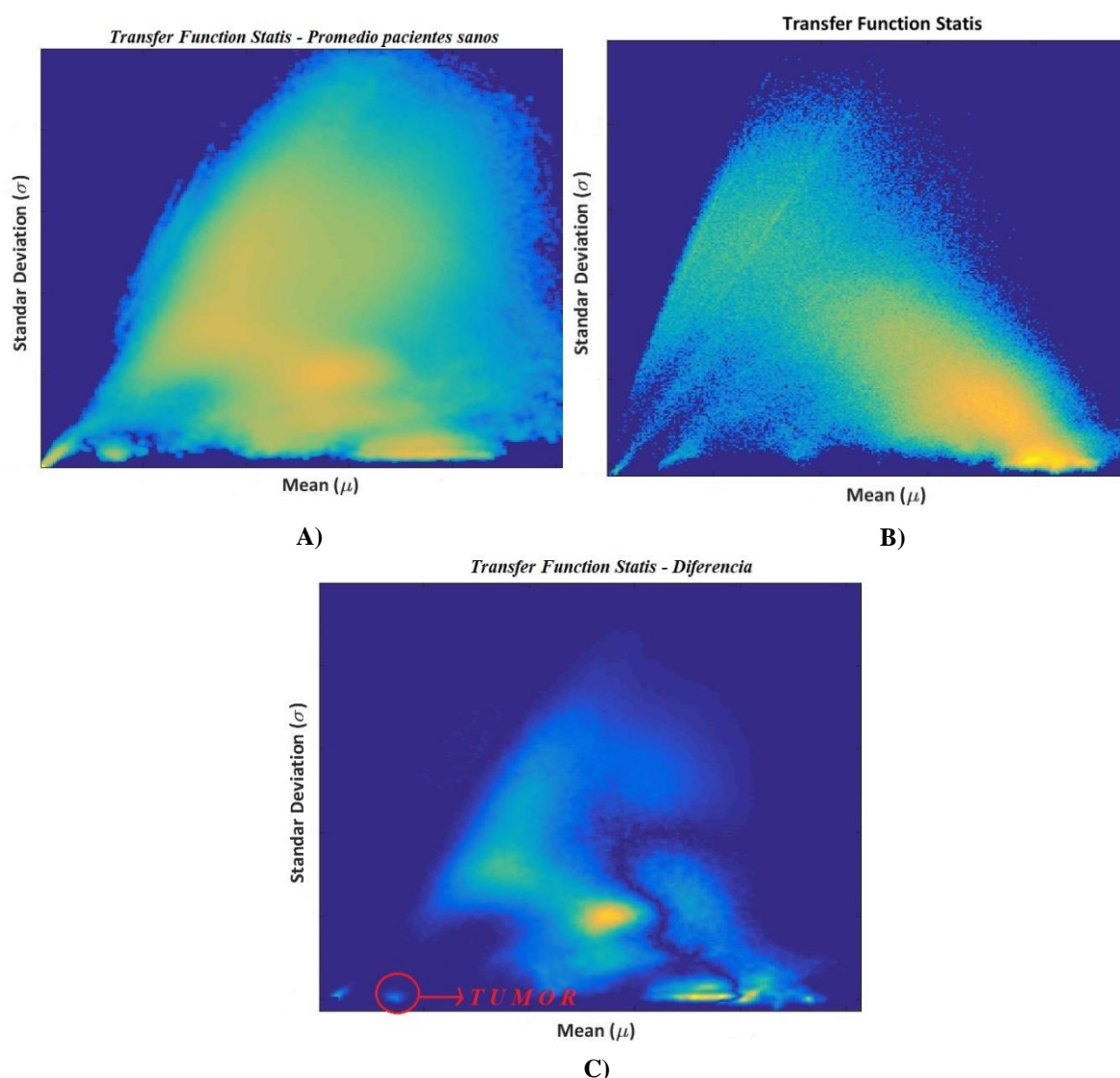


Figura 5.5: Histograma Estadístico. **A)** Promedio entre los 29 pacientes sanos. **B)** Paciente con tumor. **C)** Diferencia de histogramas, dónde se observa la ubicación del tumor ($[x, y] = [36, 248]$)

Histograma Gradiente

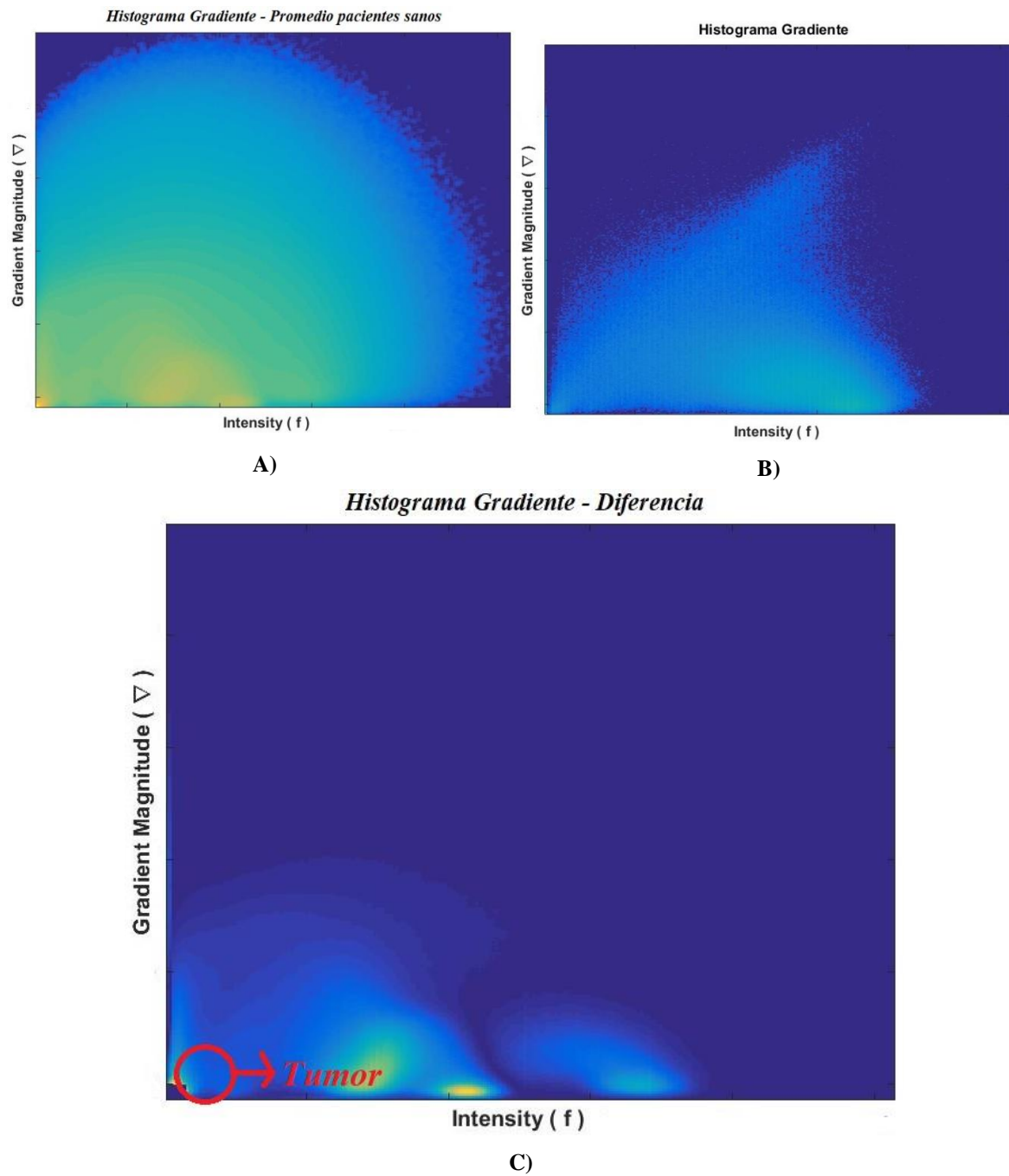


Figura 5.6: Histograma Gradiente. **A)** Promedio entre los 29 pacientes sanos. **B)** Paciente con tumor. **C)** Diferencia de histogramas, dónde se observa la ubicación del tumor ($[x, y] = [15, 247]$).

Histograma LH

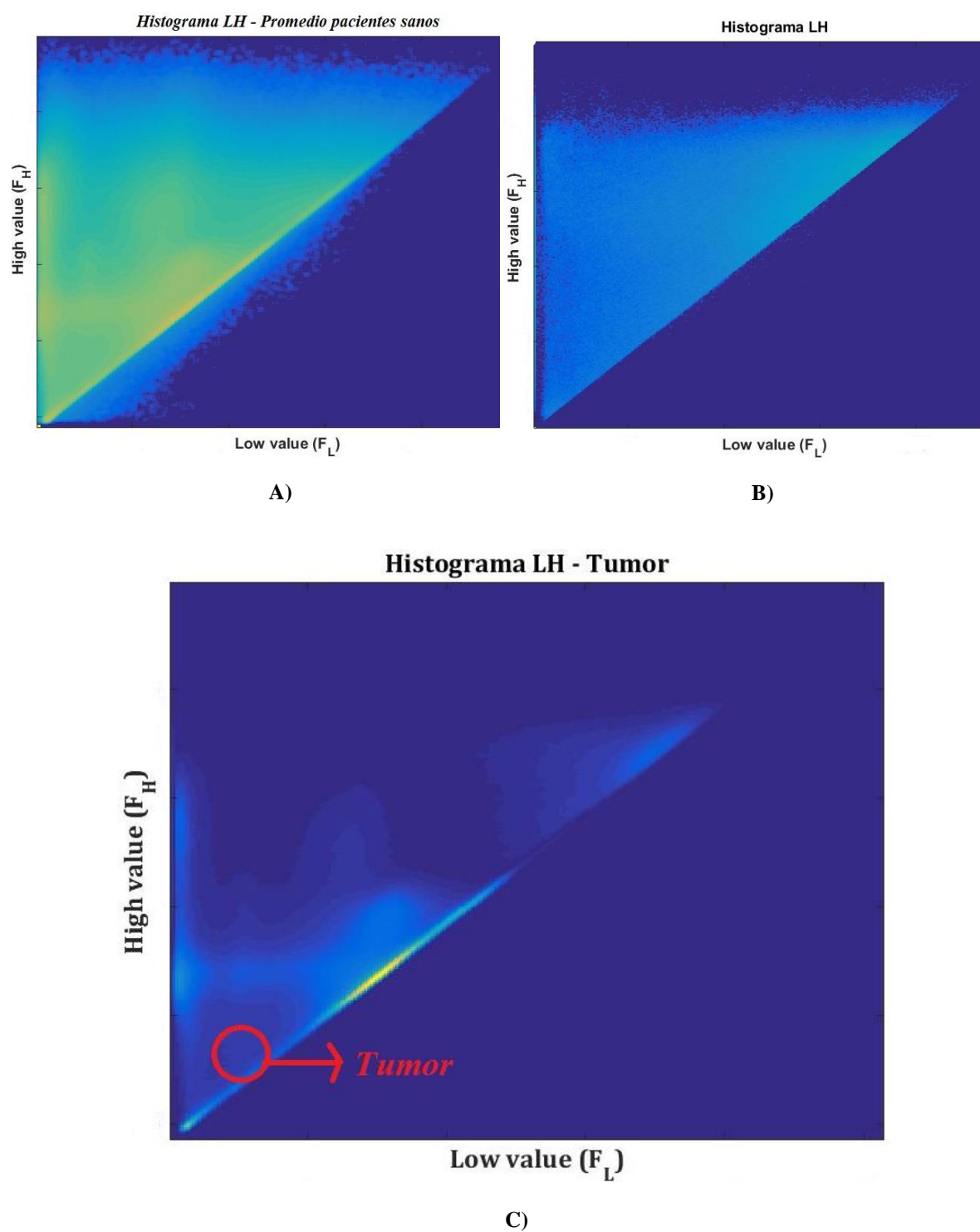


Figura 5.7: Histograma LH. **A)** Promedio entre los 29 pacientes sanos. **B)** Paciente con tumor. **C)** Diferencia de histogramas, dónde se observa la ubicación del tumor ($[x, y] = [28, 208]$).

Capítulo 6: Conclusiones y trabajo futuro

6.1 Conclusiones

En este trabajo se estudiaron e implementaron diferentes funciones de transferencia usadas tradicionalmente en el renderizado volumétrico. En particular, se diseñó y desarrolló una interfaz gráfica en Matlab para la segmentación semi-automática de regiones y estructuras anatómicas por medio de funciones de transferencia, empleando técnicas propuestas por Gordon Kindlmann, Pet Sereda, y Martin Haidacher.

Se desarrolló una herramienta de calidad, la cual permite una segmentación de estructuras y regiones anatómicas de forma semi-automática. No obstante, hay que recordar que el diseño de la interfaz que se ha realizado es un prototipo y por lo tanto es susceptible a sufrir modificaciones tanto en sus funcionalidades, como en su diseño. Además, se implementó un novedoso método para la identificación estadística y segmentación semi-automática de regiones anormales sobre imágenes de resonancia magnética por funciones de transferencia basadas en propiedades estadísticas y derivadas operacionales.

Aunque todas las funciones de transferencia permitieron realizar segmentaciones apropiadas, las mejores segmentaciones fueron realizadas por la función de transferencia basada en propiedades estadísticas, dicha función logró marcar las fronteras entre estructuras anatómicas de manera sobresaliente ante las otras funciones de transferencia. Las estructuras segmentadas corresponden a regiones cerebrales como materia blanca, materia gris, líquido cefalorraquídeo, y estructuras como tumores y ventrículos. Esto se atribuye a que esta función fue diseñada con el propósito de tratar conjuntos de datos en presencia de ruido como lo son los datos obtenidos por resonancia magnética, datos que se usaron para realizar las pruebas propuestas.

La segmentación por funciones de transferencia ofrece una gran ventaja sobre los diferentes métodos de segmentación de imágenes médicas, en específico la segmentación basada en atlas, dado a que este método de segmentación no considera la información espacial de la imagen sino características como bordes codificados en un nuevo dominio, eliminando así la dependencia de la orientación final de las imágenes y la variabilidad anatómica entre sujetos, lo que permite una segmentación correcta y de calidad de diferentes estructuras y regiones anatómicas cerebrales.

6.2 Trabajo futuro

Pese que se ha realizado un gran esfuerzo en el desarrollo de la interfaz gráfica y se han obtenido resultados positivos, ha quedado pendiente de estudio un conjunto de mejoras que podrán ser incorporadas con posterioridad. Entre ellas destacan:

1. Realizar la reconstrucción tridimensional del conjunto de datos a través de la técnica de renderizado volumétrico por medio del algoritmo Ray-Casting, donde se podrán visualizar las estructuras y regiones anatómicas que han sido segmentadas.
2. Dado que ha mostrado ser útil la nueva técnica de identificación estadística, se propone el uso de estadísticas de orden superior para el promediado de imágenes con el propósito de mejorar la segmentación semi-automática de tumores cerebrales.
3. Mejorar el diseño de la interfaz gráfica, en específico los visores de volumen e histogramas con el propósito de mejorar su funcionalidad y además, que esta sea visualmente atractiva para que pueda ser implementada por especialistas en su rutina clínica.
4. Mejorar la forma en la que se seleccionan las regiones de interés sobre el histograma deseado. Es decir, que el usuario pueda directamente dibujar sobre el histograma la zona de su interés, eliminando la forma actual, en donde la zona es dibujada a través de un círculo.

Bibliografía

- [1] Ilse Raquel Raudales Díaz. *Imágenes Diagnósticas: Conceptos y Generalidades*. Revista-Facultad: Ciencia Médica. Enero - Junio 2014
- [2] Carlos Falcón Torres. *Estudio y Diseño: Renderizado Volumétrico con AMILab*. Trabajo Fin de Máster Sistemas Inteligentes y Aplicaciones Numéricas en Ingeniería (SIANI).
- [3] Gengsheng Lawrence Zeng. *Medical Image Reconstruction A Conceptual Tutorial Methodologies*. Springer-Verlag New York, 2010.
- [4] Ignacio García Fenoll. *Aportaciones a la Segmentación y Caracterización de Imágenes Médicas 3D*. Universidad de Sevilla. Enero, 2010.
- [5] *Principios de la Tomografía Computarizada*. Revista digital para profesionales de la enseñanza. Federación de Enseñanza de CC.OO. de España-Andalucía. Septiembre de 2009.
- [6] Ricardo Rojas Martínez. *Imagenología en Resonancia Magnética*. Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares (ININ). Departamento de Protección Radiológica - México.
- [7] National Institute of Biomedical Imaging and Bioengineering: Science Education. Recuperado de: <https://www.nibib.nih.gov/science-education/science-topics/magnetic-resonance-imaging-mri>.
- [8] Lourdes Sánchez. *Principios Físicos de la Resonancia Magnética Nuclear*. Trabajos Médicos. Agosto, 2012.
- [9] Diego Miguel Rivera, Sofía Puentes y Ligia Caballero. *Resonancia magnética cerebral: secuencias básicas e interpretación*. Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá - Colombia. Junio, 2011.
- [10] Klaus Engel, Markus Hadwiger, Joe M. Kniss and Christof Rezk-Salama. *Real-Time Volume Graphics*. The Eurographics Digital Library, 2006.
- [11] Andreas Opitz. *Classification and Visualization of Volume Data Using Clustering*. Technische Universität Wien-Institut für Computergraphik und Algorithmen Arbeitsbereich Computergraphik. October, 2009.
- [12] Soeren Grimm. *Real-Time Mono and Multi-Volume Rendering of Large Medical Datasets on Standard PC Hardware*. Ph.D. thesis, Wien University of Technology fakultät für informatik, 2005.

- [13] Ferenc Sárközy. *Gis Functions – Interpolation*. Technical University Budapest-Department of Surveying.
- [14] Yoshinobu Sato, Carl - Frederik Westin, Adhir Bhalerao, Shin Nakajima, Nobuyuki Shiraga, Shigeyuki Tamura and Ron Kikinis. *Tissue classification based on 3D local intensity structures for volume rendering*. Department of Radiology, Harvard Medical School and Brigham and Women's Hospital. Boston - USA.
- [15] Ciro José Durán Ostos y Francisco Rafael Morillo Morales. *Rendering Volumétrico Acelerado basado en Mecanismos de Manejo de Texturas*. Universidad Simón Bolívar, Ingeniería de Computación. Sartenejas, Marzo de 2006.
- [16] Nelson Max. *Optical Models for Direct Volume Rendering*. University of California, Davis, and Lawrence Livermore National Laboratory.
- [17] Marc Levoy. *Volume Rendering by Adaptive Refinement*. The Visual Computer, 6(1): 2-7. 1990.
- [18] Lee Westover. *Footprint Evaluation for Volume Rendering*. SIGGRAPH Comput. Graph. 24:367- 376, September 1990.
- [19] Liubov Alexandrovna Flores, *Algoritmos Paralelos de Reconstrucción de Imágenes Tomográficas Computarizadas*. Universidad Politécnica de Valencia. España 2013.
- [20] Daniel Weiskopf. *GPU-Based Interactive Visualization Techniques*. Germany, September 2005
- [21] Gordon Lothar Kindlmann. *Semi-Automatic Generation of Transfer Functions for Direct Volume Rendering*. Program of Computer Graphics, Cornell University. January 2009.
- [22] Jairo Hernández, Carolina Mora, Ricardo Cobeñas y Juan Cruz Gallo. *Sensibilidad y Especificidad de la Tomografía Axial Computarizada para el Diagnóstico de Hemorragia de Vías Digestivas: Meta-análisis*. Centro de Educación Médica e Investigaciones Clínicas (CEMIC), Departamento de Imágenes Diagnósticas. Buenos Aires, Argentina.
- [23]. Gustavo Adolfo Ospina Torres. *Registro automático de imágenes médicas preoperatorias e intraoperatorias basado en intensidad: Aplicación a un sistema de navegación quirúrgica*. Tesis de Maestría, Universidad Tecnológica de Pereira, 2015.
- [24] John Ashburner and Karl J. Friston. *Voxel-Based Morphometry—The Methods*. The Wellcome Department of Cognitive Neurology, Institute of Neurology, Queen Square, London WC1N 3BG, United Kingdom. October 22, 2009.

- [25] Walter Serna Serna, Juan Pablo Trujillo Lemus y Jorge Hernando Rivera Piedrahita. *Descripción del estándar DICOM para un acceso confiable a la información de las imágenes médicas*. Universidad Tecnológica de Pereira, 2010.
- [26] Preim, B. and Both, C. (2013). *Visual Computing for Medicine – Theory, Algorithms and Applications*. 2nd ed. Capítulo 9 - pp. 339-400.
- [27] Petr Sereda, Anna Vilanova Bartrolí, Iwo Serlie. Frans A. Gerritsen. *Visualization of Boundaries in Volumetric Data Sets Using LH Histograms*. IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics. Vol. 12, No. 2, March / April 2006.
- [28] J. Kniss, G. Kindlmann and C. Hansen, *Multidimensional Transfer Functions for Interactive Volume Rendering*, IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics, vol. 8, no. 3, pp. 270-285, 2002.
- [29] Iwo Serlie, Roel Truyen, Jasper Florie, Frits H. Post, Lucas J. van Vliet, and Frans Vos. *Computed Cleansing for Virtual Colonoscopy Using a Three Material Transition Model*. In MICCAI 2003: Proceedings of the 6th International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, pages 175–183, 2003.
- [30] Martin Haidacher, Daniel Patel, Stefan Bruckner, Armin Kanitsar and M. Eduard Gröller. *Volume Visualization based on Statistical Transfer – Function Spaces*. Institute of Computer Graphics and Algorithms Vienna University of Technology, Austria.
- [31] Carlos Becilla Peñafiel y Patricia Chávez Burbano. *Segmentación de Imágenes Médicas para Detección de Detalles*. Facultad en Ingeniería Electricista y Computación, Escuela Superior Politécnica del Litoral.
- [32] Margarita Núñez. *Procesamiento de Imágenes en Medicina Nuclear*. Escuela Universitaria de Tecnología Médica UdelaR, Montevideo, Uruguay, 2008.
- [33] Ernesto Coto. *Métodos de Segmentación de Imágenes Médicas*. Universidad Central de Venezuela, Laboratorio de Computación Gráfica (LCG) Venezuela – Caracas, Marzo 2003
- [34] Rafael González and Richard Woods, *Tratamiento Digital de Imágenes*. Wilmington (Delaware): Addison-Wesley Iberoamericana, 1996, pp.447-517.
- [35] Nyul LG, Udupa JK. *On standardizing the MR image intensity scale*. Magn Reson Med. 1999.
- [36] Varios autores. *Histogram-based normalization technique on human brain magnetic resonance images from different acquisitions*. BioMedical Engineering OnLine, Julio 28 de 2015.

Apéndice A

Imágenes obtenidas

- **Histograma Estadístico**

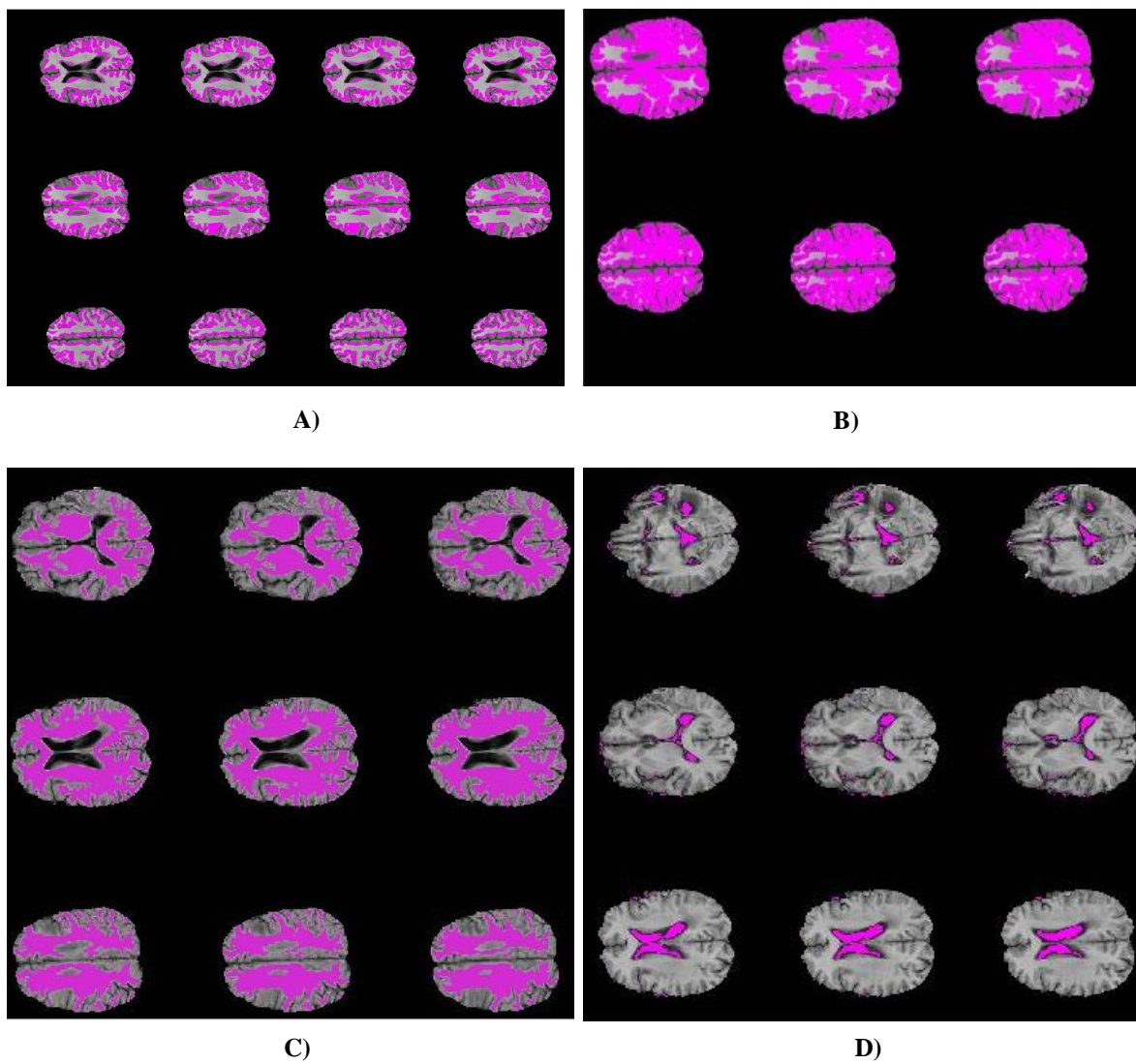


Figura A.1: Segmentaciones obtenidas a partir del Histograma Estadístico sobre el volumen tratado: **A)** Materia Gris. **B)** Líquido cefalorraquídeo. **C)** Materia Blanca. **D)** Tumor y Ventriculos.

- **Histograma Gradiente vs Intensidad**

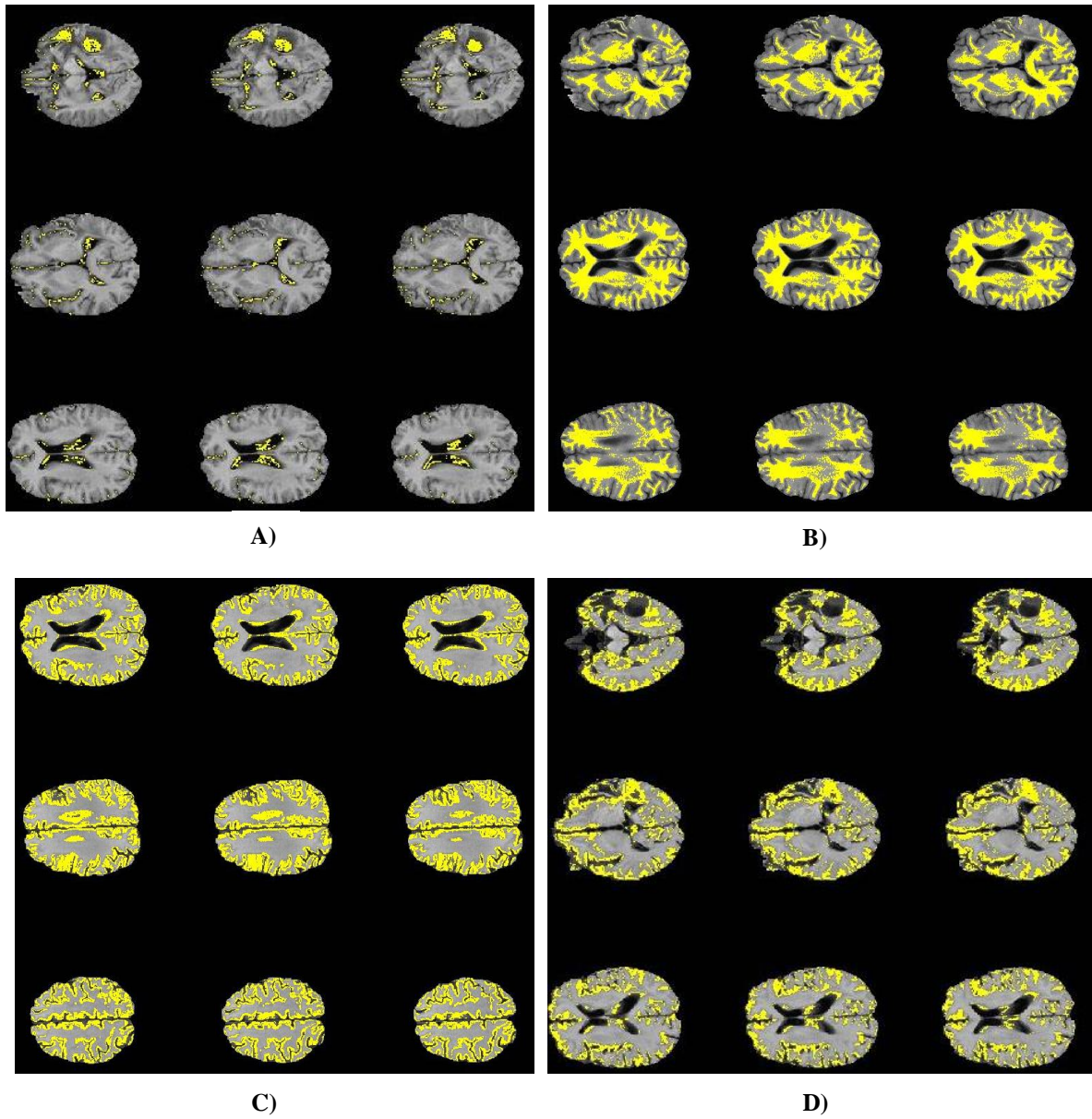


Figura A.2: Segmentaciones obtenidas a partir del Histograma Gradiente sobre el volumen tratado:
A) Tumor - Ventriculos. B) Materia Blanca. C) Líquido cefalorraquídeo. D) Materia Gris.

- **Histograma LH (Intensidad baja vs Intensidad alta)**

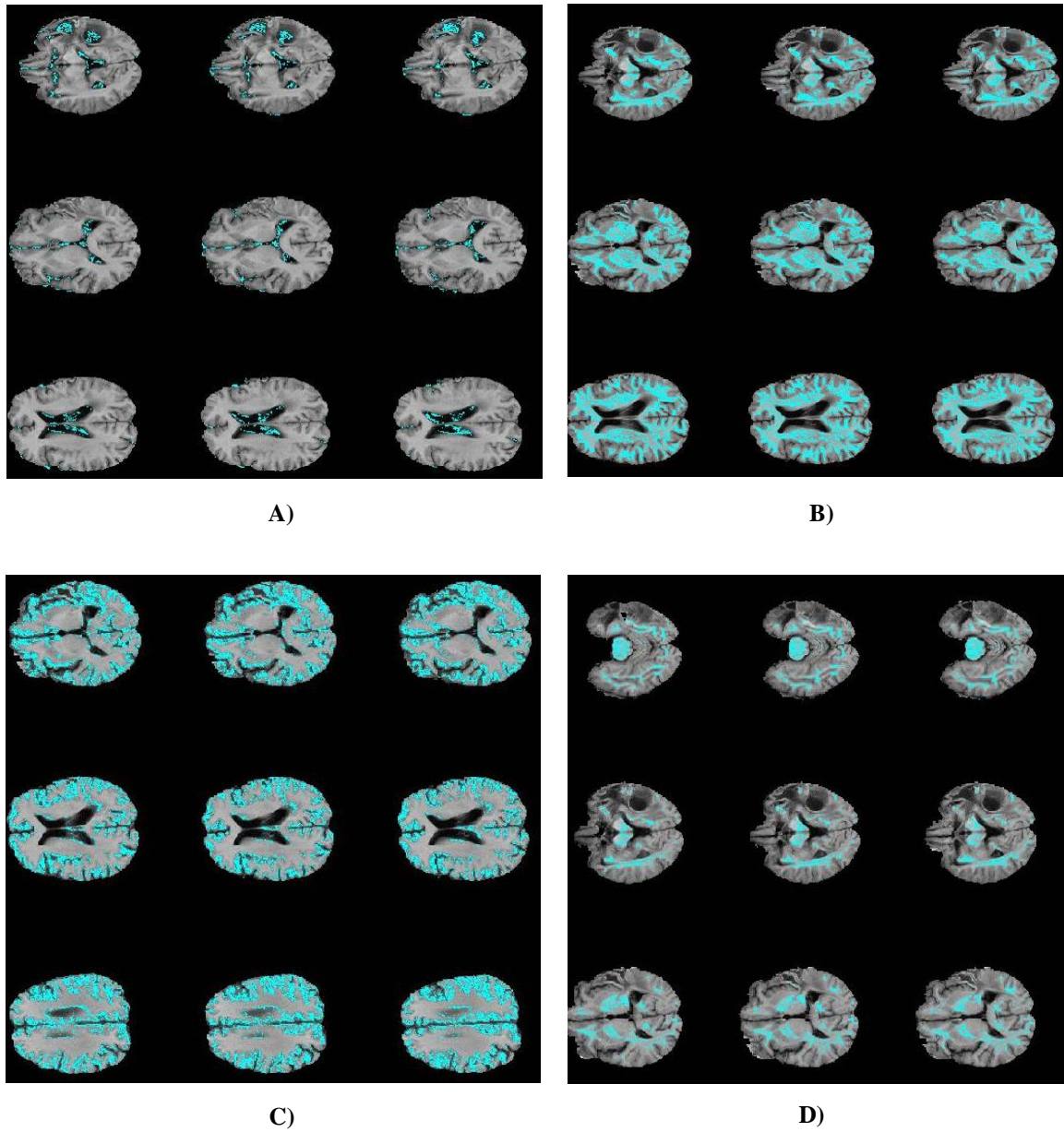


Figura A.3: Segmentaciones obtenidas a partir del Histograma LH sobre el volumen tratado: **A)** Tumor - Ventriculos. **B)** Materia Blanca. **C)** Materia Gris. **D)** Líquido cefalorraquídeo.

Segmentación semi-automática de tumores cerebrales sobre imágenes de resonancia magnética por funciones de transferencia

- **Histograma Estadístico**

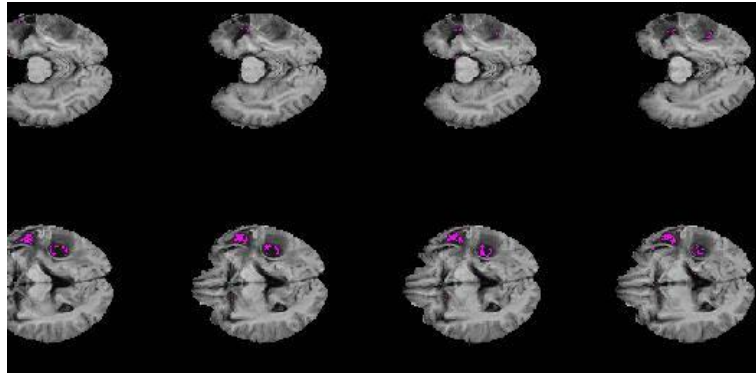


Figura A.4: Segmentación del tumor cerebral sobre el volumen elegido previamente.

- **Histograma LH**

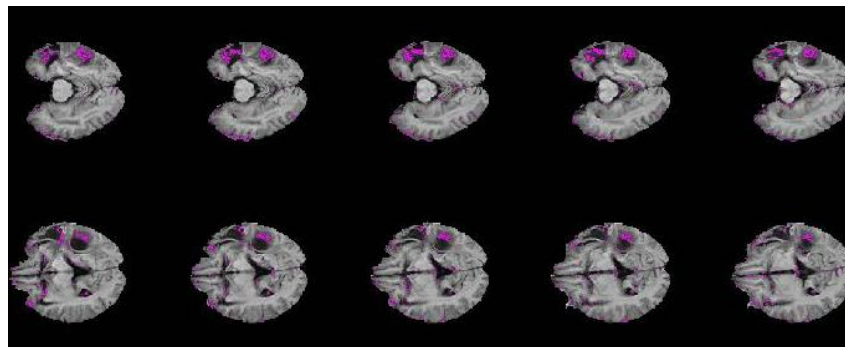


Figura A.5: Segmentación del tumor cerebral sobre el volumen elegido previamente.

- **Histograma Gradiente**

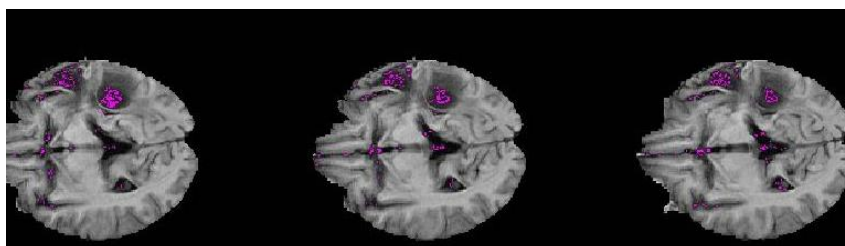


Figura A.6: Segmentación del tumor cerebral sobre el volumen elegido previamente.

Apéndice B

Segmentación semi-automática de estructuras anatómicas de diente humano sobre tomografía axial computarizada por funciones de transferencia

- Histograma LH

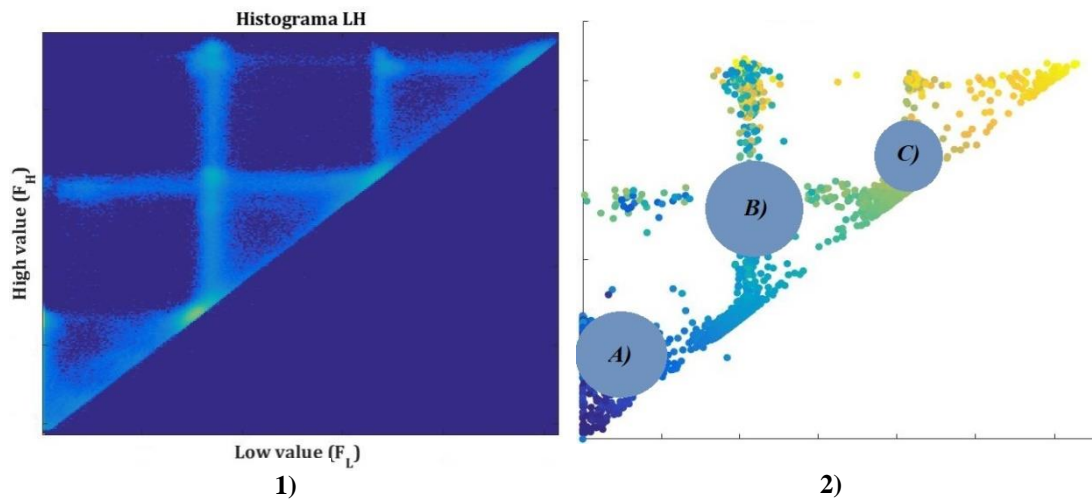


Figura B.1: 1) Histograma LH. 2) Scatter – Histograma LH con las respectivas regiones seleccionadas.

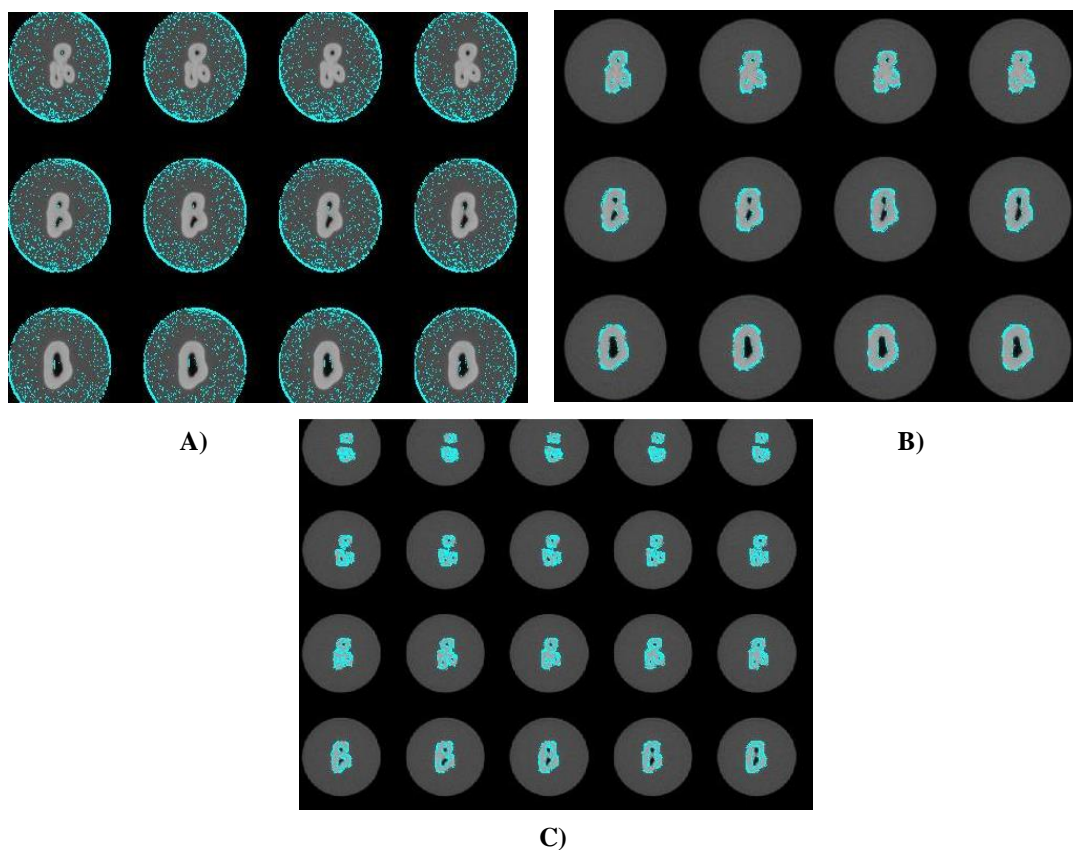


Figura B.2: Estructuras segmentadas: **A)** Borde del área de trabajo del tomógrafo. **B)** Frontera entre el esmalte y el aire que rodea el diente. **C)** Dentina.

- **Histograma Estadístico**

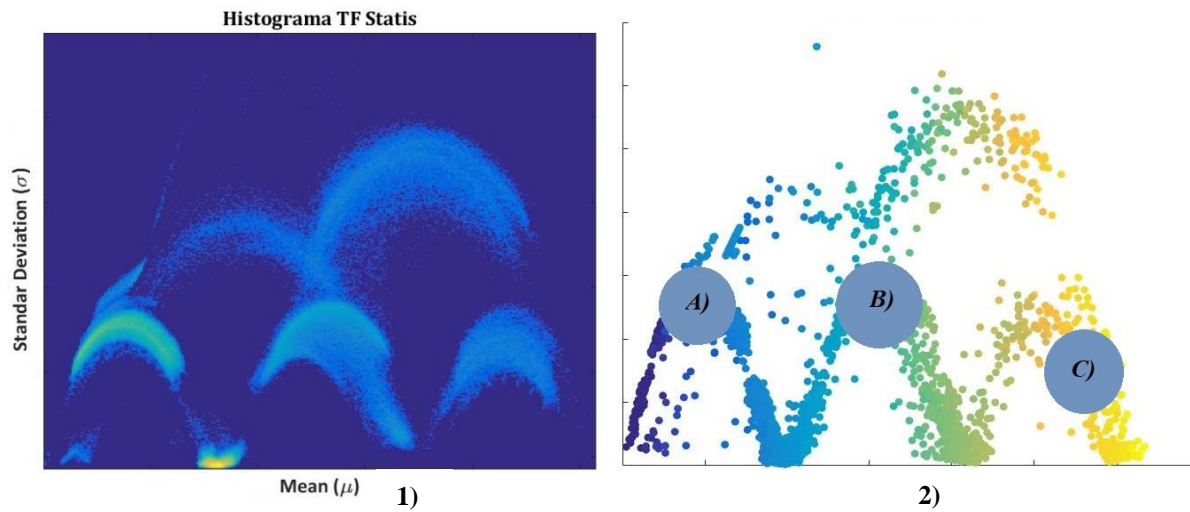


Figura B.3: 1) Histograma Estadístico. 2) Scatter con las respectivas regiones seleccionadas.

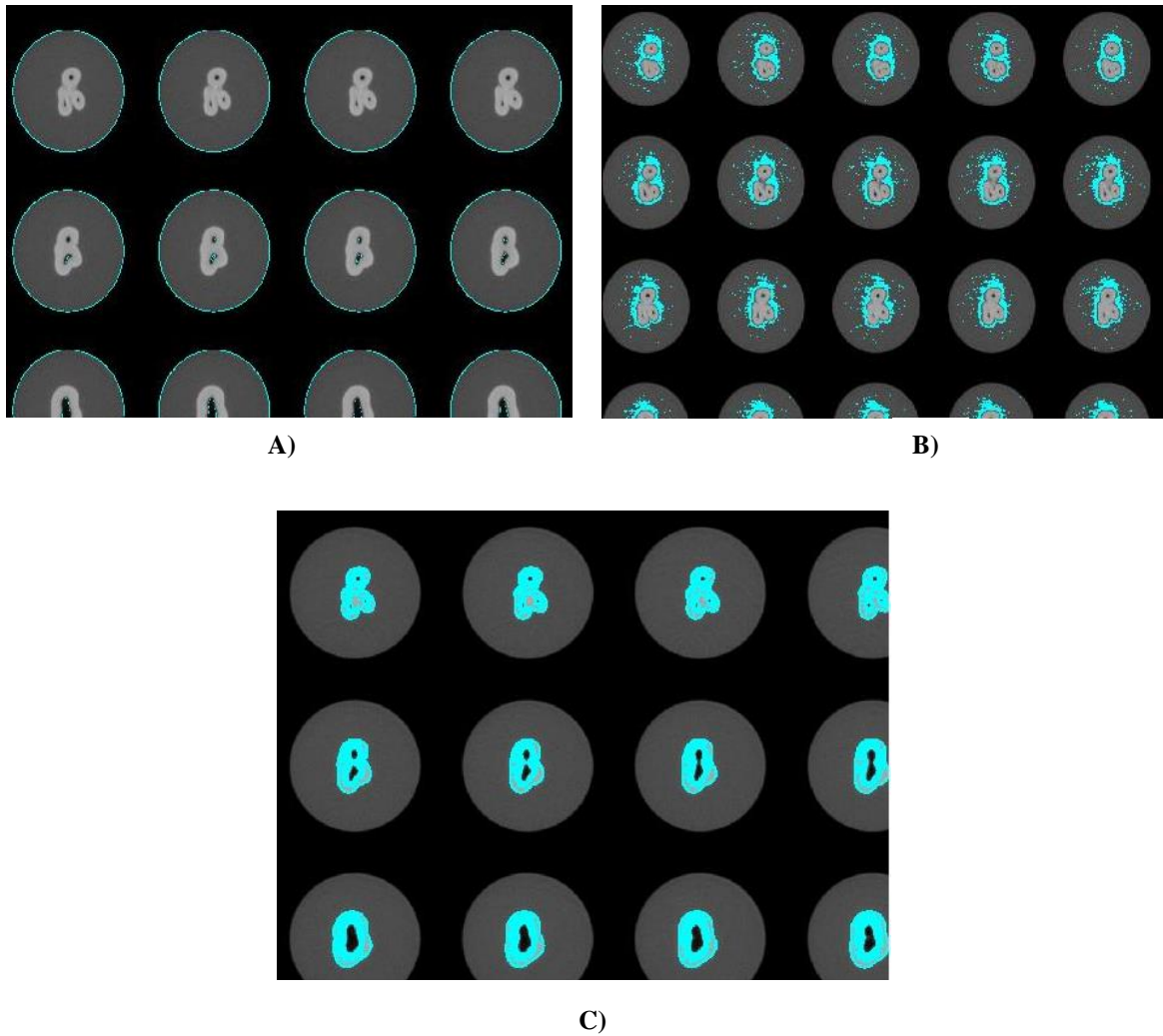


Figura B.4: Estructuras segmentadas: **A)** Borde del área de trabajo del tomógrafo. **B)** Frontera entre el esmalte y el aire que rodea el diente. **C)** Dentina.

- **Histograma Gradiente**

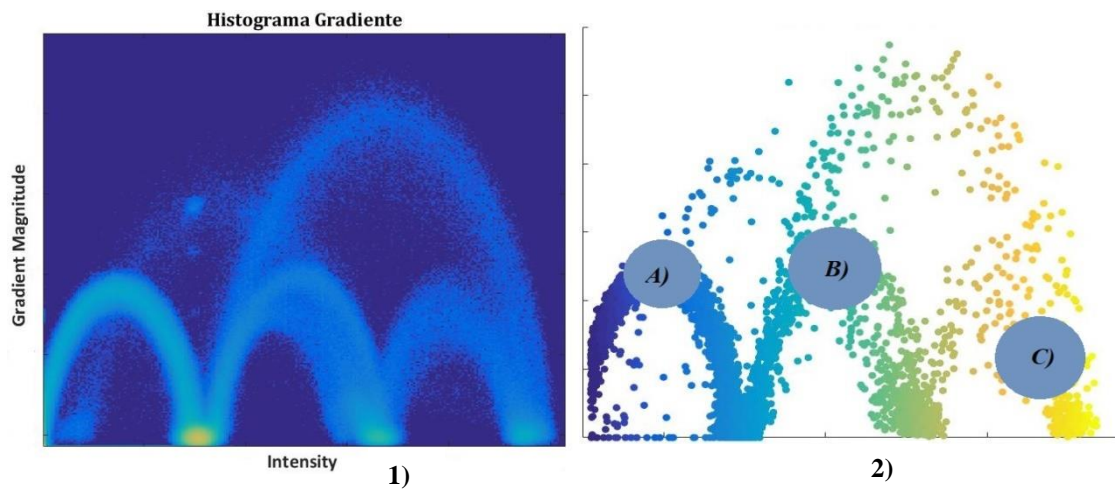


Figura B.5: 1) Histograma Estadístico. 2) Scatter con las respectivas regiones seleccionadas.

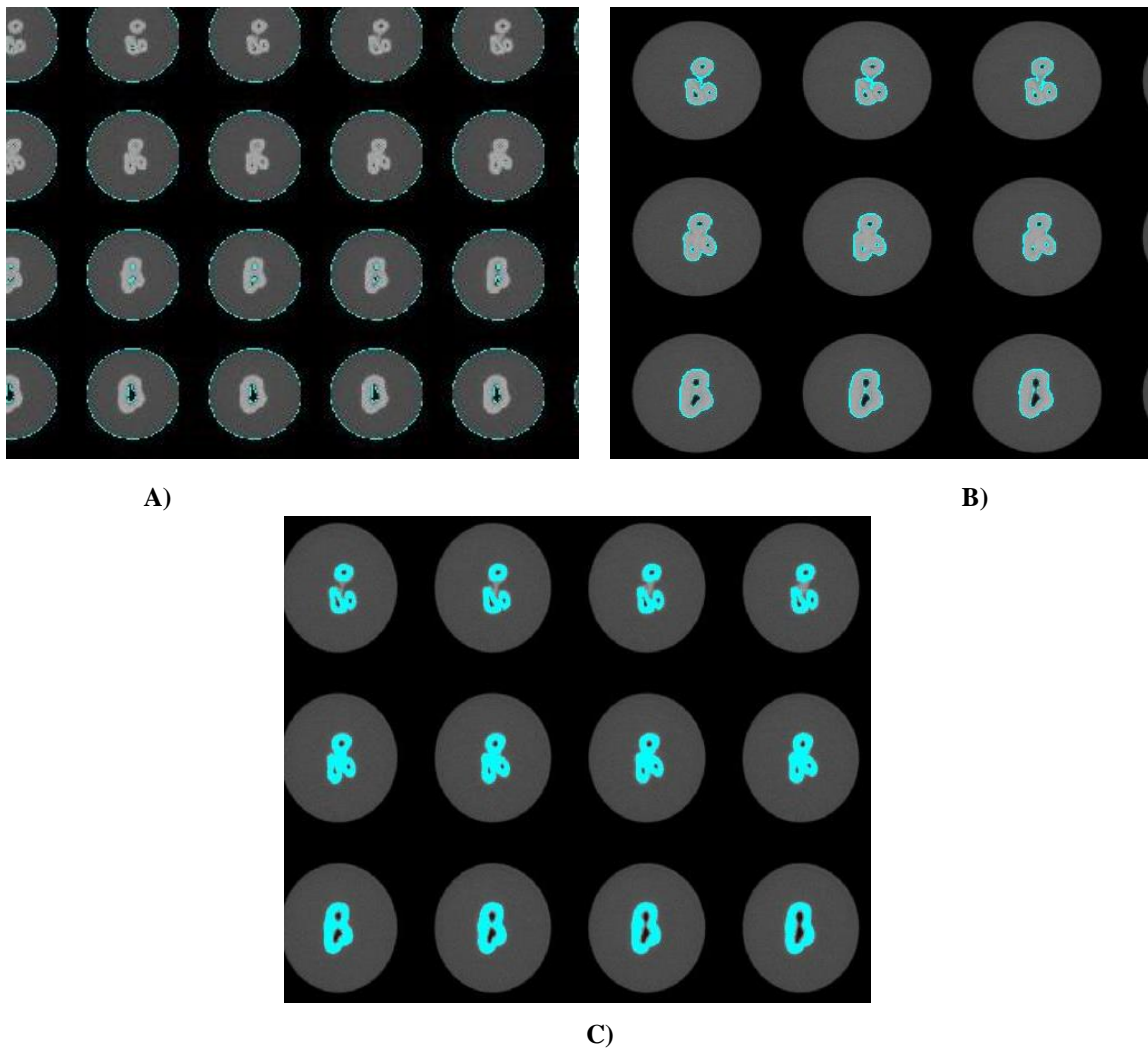


Figura B.6: Estructuras segmentadas: **A)** Borde del área de trabajo del tomógrafo. **B)** Frontera entre el esmalte y el aire que rodea el diente. **C)** Dentina.